

ゼロから実践する 遺伝統計学セミナー

疾患とゲノムを結びつける

contents

| | |
|--------|-----|
| はじめに | 003 |
| 本書の使い方 | 008 |

第1章 ヒトゲノム入門

| | |
|-----------------|-----|
| 1 DNA, ゲノムとは何か | 012 |
| 2 ヒトゲノム配列とその個人差 | 014 |

第2章 遺伝統計学の概要

| | |
|----------------------|-----|
| 1 ヒトゲノム多型を用いた疾患ゲノム解析 | 022 |
| 2 オミクス解析による疾患病態の解明 | 033 |
| 3 ゲノム解析における機械学習 | 039 |
| 4 ゲノム創薬への展望 | 041 |

第3章 統計学入門

| | |
|--------------------|-----|
| 1 統計学の一分野としての遺伝統計学 | 050 |
| 2 母集団と標本集団, 理論分布 | 052 |

| | |
|----------------------|-----|
| 3 帰無仮説と p 値 | 057 |
| 4 さまざまな統計検定手法 | 060 |

第4章 Linux 入門

| | |
|-----------------------------------|-----|
| 1 Linux について | 066 |
| 2 Cygwin について | 067 |
| 3 Cygwin を使った Linux コマンド実習 | 070 |

第5章 プログラミング入門

| | |
|-----------------------|-----|
| 1 プログラミングについて | 086 |
| 2 プログラミング言語の比較 | 088 |
| 3 Python 入門実習 | 091 |
| 4 AWK 入門実習 | 098 |

第6章 R 入門

| | |
|------------------------------|-----|
| 1 統計解析に優れたプログラミング言語：R | 102 |
| 2 数値計算，変数（ベクトル・行列）の扱い | 104 |
| 3 R の関数 | 109 |
| 4 if 文と for 文 | 111 |

| | |
|--------------------|-----|
| 5 ファイルの読み書き | 113 |
| 6 統計検定 | 116 |
| 7 グラフの描画 | 124 |

第7章 遺伝統計ソフトウェア PLINK

| | |
|-----------------------------------|-----|
| 1 ヒトゲノムデータの取り扱い | 128 |
| 2 1000 Genomes Project データ | 129 |
| 3 遺伝統計解析ソフト PLINK 実習 | 137 |

第8章 GWAS・eQTL 解析実習

| | |
|-------------------------------|-----|
| 1 遺伝統計学における関連解析 | 148 |
| 2 PLINK を使った GWAS | 154 |
| 3 遺伝子発現量を対象とした eQTL 解析 | 166 |

第9章 SNP genotype imputation

| | |
|--|-----|
| 1 SNP genotype imputation | 178 |
| 2 HLA imputation 法 | 187 |
| 3 SNP2HLA を使った HLA imputation 法 | 195 |

第10章 適応進化の解明・選択圧解析

| | |
|-------------------------------|-----|
| 1 選択圧と適応進化 | 204 |
| 2 全ゲノムシーケンスに基づく適応進化の解明 | 212 |
| 3 selscan を使った選択圧解析実習 | 217 |

付録 データベース・ウェブツール一覧

| | |
|------------------------|-----|
| 1 ゲノム・遺伝子 | 228 |
| 2 遺伝子変異・SNP | 230 |
| 3 GWAS・疾患感受性遺伝子 | 232 |
| 4 エピゲノム | 236 |
| 5 創薬 | 239 |
| 索引 | 242 |