

# 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

<b>3</b> 帰無仮説と $p$ 値	057
<b>4</b> さまざまな統計検定手法	060

## 第4章 Linux 入門

<b>1</b> Linux について	066
<b>2</b> Cygwin について	067
<b>3</b> 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

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

## 第6章 R 入門

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

<b>5</b> ファイルの読み書き	113
<b>6</b> 統計検定	116
<b>7</b> グラフの描画	124

## 第7章 遺伝統計ソフトウェア PLINK

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

## 第8章 GWAS・eQTL 解析実習

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

## 第9章 SNP genotype imputation

<b>1</b> SNP genotype imputation	178
<b>2</b> HLA imputation 法	187
<b>3</b> SNP2HLA を使った HLA imputation 法	195

## 第10章 適応進化の解明・選択圧解析

<b>1</b> 選択圧と適応進化	204
<b>2</b> 全ゲノムシーケンスに基づく適応進化の解明	212
<b>3</b> 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

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