

第3回(2011年度)計算機統計セミナー

「実務としてのゲノム統計学～理論的背景からファーマコゲノミクスまで」のご案内

■開催概要

主催：日本計算機統計学会， 後援：日本計量生物学会

日時：2011年9月11日(土) 10:00~16:40(昼休み・途中休憩を含む)

会場：文京シビックセンター シルバーセンター ホール(4階)

東京メトロ丸の内線・南北線後楽園駅徒歩1分，都営地下鉄三田線・大江戸線春日駅徒歩1分

講師：上辻 茂男 先生，梁 祐誠 先生，斎藤 聡 先生(スタージェン株)

参加費(テキスト代を含む)：

会員： 一般 8,000円， 学生 4,000円

非会員： 一般 16,000円， 学生 8,000円

なお，テキストのみの購入も在庫限りで可能です(頒布価格：3,000円)。

■セミナーの内容

趣旨：

生物の多様性を解明するゲノム研究は、「ヒトゲノムプロジェクト」，「HapMapプロジェクト」，さらに観測技術の革新とともに近年急速に成長した。特に個人のゲノム情報の違いを網羅的に観測できるDNAチップの登場で，多くのゲノム研究が世界中で行われ，病気の発症のメカニズムの解明や個人のゲノム情報に基づいて最適な医療を提供する個別化医療が進んだ。さらに最近では生物の全ゲノム情報を解読する次世代シーケンサの出現により，未知なる原因の解明が期待される。一方でゲノム研究には誤りが多いことも事実である。観測される大量のゲノム情報には多くの誤りが含まれていることはよく知られている。さらに観測技術の特徴から，誤った観測データを，関連性を示唆するゲノム情報であると誤判断する可能性も高い。しかしこの誤りの多くは解析で防ぐことができる。なぜならばゲノム情報は世代から世代へ安定して継承されるからである。この法則を遺伝継承法則と呼ぶ。ゲノム統計学は，ゲノム情報を原因とした多様な結果を，遺伝継承法則に基づいて解析するための学問である。本講義ではゲノム情報を用いた統計解析を行う上で必要なリテラシを身につけることを目標とする。実際のゲノム情報の扱い方，ファーマコゲノミクスへの応用などゲノム統計学の上流から下流まで一連の流れについて説明する。さらに次世代シーケンサを用いた研究の最前線について紹介する。

到達目標：

Adaptive デザインに用いられる統計手法の基本理論と適用上の課題を理解し，臨床試験の計画に際して Adaptive デザインの適用可能性を統計学的観点から適切に検討できるようになる。

■参加登録・テキスト購入について

学会ウェブページにある申込フォームからオンラインでお申し込みいただけます。

セミナーにご参加いただくには事前の参加登録および参加費のお支払いが必要です。

計算機統計セミナー申込フォーム URL: http://www.jscs.or.jp/seminar/seminar03_form.html

参加登録期限：8月25日(木)

ただし，定員に達し次第締め切りとさせていただきますので，お早めにお申し込みください。

参加費のお支払い期限：9月2日(金)

■お問い合わせ先

セミナー専用 E-mail: seminar@jscs.or.jp

- セミナーの実施・内容に関するお問い合わせ：

企画理事・セミナー実行委員 富田 誠(東京医科歯科大学)

- 参加登録・テキスト購入に関するお問い合わせ(学会事務局)：

〒101-0051 東京都千代田区神田神保町3-6 能楽書林ビル5F

(財)統計情報研究開発センター内 日本計算機統計学会

TEL：03-3234-7580(平日9:30~17:00)，FAX：03-3234-7580

E-mail: office@jscs.or.jp

■セミナーの最新情報

計算機統計セミナー URL: <http://www.jscs.or.jp/seminar/seminar03.html>