統計遺伝学試験

農学研究科 農学専攻 育種学研究室

修士1回生

山宮 拓馬

本授業において、行列とグラフ理論について様々なことを学びました。学期のはじめの時点では、行列については計算方法を理解している、固有値分解を知っている程度、グラフ理論は全く知識がない状態で、それぞれデータを扱う上でどのように役立てるかということについては無知でした。講義を通して、行列で表される莫大な数のデータを変換して、人間が読み取り可能な程度のデータを抽出するための様々な変換法が存在することを学びました。グラフ理論においては、現実のネットワーク関係を表現することのできる様々なグラフが存在することを学びました。グラフは行列と密接な関係があり、グラフを扱う上では行列の計算の応用が有用なことがわかりました。

　さて、レビュー“Role of Network-based Analytics in Precision Oncology”の内容を理解する上で、今回学んだことがどのように役立てられたか、ということになりますが、率直に言うと、本レビューの内容は自分には難しく、特に細かい計算モデルについてはほとんど理解できませんでした。しかしながら、ある程度の感覚的理解が可能な部分もありました。例えばFig.2に示されているネットワークデータとゲノミックプロファイルからモデル作成をして、表現型を推定したり、癌の原因となるモジュールの特定をしたりする3つの方法について、ネットワークデータやゲノミックプロファイルを行列として計算可能なデータに変換して、様々な処理を施して予想モデルを立てるのだろう、と理解しました。以前だと、それぞれのインプットデータをどのように扱うのか全くわからなかったと思います。プロセスの違いの意味合いについても、数式の扱い方の違いをイメージすることで、それぞれの特性や長所、短所について理解が深まったように思います。