
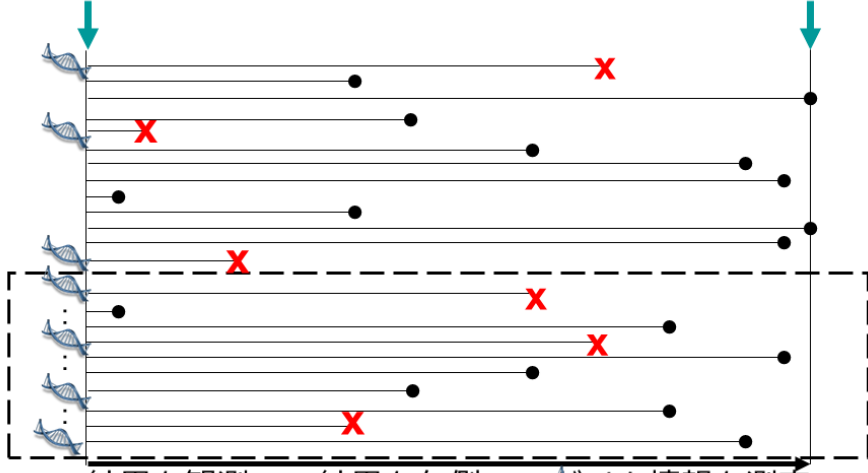


<p>データサイエンス</p>	<p>【代表的な研究テーマ】 □ 医療統計における研究デザインと解析方法</p>
<p>key word</p>	<p>課題解決に役立つシーズの説明</p>
<ul style="list-style-type: none"> ■ データサイエンス ■ 研究デザイン ■ 統計的モデリング 	<p>【1】 医療統計における研究デザインと解析方法</p> <p>医療統計学は、医学や生物学におけるデータサイエンスのひとつの分野である。臨床研究や疫学研究において、交絡、欠測データ、治療不遵守などによるバイアスが入るのを防ぐため、研究デザインを提案し、そのデザインにもとづく解析方法の開発を行っている。主に、環境による曝露と疾病発生との間の因果関係を調べるための、研究計画の立案、研究の実施、データ解析、解析結果の報告のまとめについて、統計コンサルティングや共同研究をとおして支援を行う。たとえば、ケース・コホート研究は、コホート全体ではなく一部の選択された対象者のみから高価なゲノム情報を測定することにより、研究のコスト・労力が大幅に節減できるデザインである[図 1]。そのため、ゲノム疫学、遺伝疫学、薬剤疫学などの幅広い分野において、このデザインが活発に実施されている。</p>
	
<p>和泉 志津恵 Shizue Izumi</p>	
<p>データサイエンス学部 教授</p>	
<p>【プロフィール】</p> <ul style="list-style-type: none"> ・広島大学理学部卒業 ・米国・ワシントン大学大学院生物統計学科修士課程修了 ・広島大学大学院医学系研究科博士課程修了、博士(医学) ・放射線影響研究所統計部研究員 ・大分大学工学部准教授 ・2016年4月 滋賀大学データサイエンス教育研究センター教授 ・2017年4月 滋賀大学データサイエンス学部教授 	<div data-bbox="469 792 1453 1525" style="border: 1px solid black; padding: 10px;"> <p>※ 高価なゲノム情報の測定は一部の選択された対象者のみ → 研究のコスト・労力は大幅に節減できる</p> <p>観測開始 観測終了</p>  <p style="text-align: center;"> X : 結果を観測, ● 結果を欠測, : ゲノム情報を測定 </p> <p style="text-align: right; border-left: 1px dashed black; padding-left: 5px;">サブコホート</p> </div>
<p>【主な社会的活動】</p> <ul style="list-style-type: none"> ・2004年1月～現在 日本計量生物学会評議員 ・2006年1月～現在 日本計量生物学会理事 ・2014年7月～現在 国際計量生物学会評議員 <p>【主な著書】</p> <ul style="list-style-type: none"> ・事例でわかる統計シリーズ 医療系のための統計入門. 実教出版. 2015. ・統計学 II: 推測統計の方法 オフィシャル スタディノート. 日本統計協会. 2015. 	<p>図 1. ケース・コホート研究の概念図</p>
<p>【連絡先】 shizue-izumi@biwako.shiga-u.ac.jp</p>	<p>企業・自治体へのメッセージ</p> <p>医療統計における研究デザインと解析方法に関する開発研究にご協力いただける企業(自治体)を探しています。</p>