

平成 29 年度
アグリバイオインフォマティクス
教育研究プログラム
受講生募集要項



1. はじめに

農学生命科学分野におけるバイオインフォマティクスの重要性は、ますます高まっています。食、環境、生命といった今日の重大な社会問題に対応するため、その具体的な方法論として、また、細分化された専門分野を統合する手段として、バイオインフォマティクスは必要不可欠となっており、基礎、応用の両面からの教育が望まれています。アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラムでは、バイオインフォマティクスに関する実践的教育と、バイオインフォマティクスに関連した農学生命科学の最先端の研究を行っています。昨年度までの13年間にのべ4800人以上の方が本プログラムの講義を受講し、単位を取得しました。本プログラムは、こうした教育研究活動を通じて、アグリバイオインフォマティクスの社会連携・国際拠点の形成を目指しています。

2. 受講手続

本プログラムでは、生命科学に関する学部レベルの知識を前提にした大学院レベルの講義を行います。また、多くの科目ではコンピュータを使用した実習を行うため、コンピュータの基本的な操作ができることを求めています。このため、自然科学を専攻する大学院生、農学・生命科学に関する研究開発に携わる社会人を受講生として想定していますが、必要な知識と強い意欲があれば学部学生などそれ以外の方の受講も歓迎します。東京大学以外の大学院に所属する学生の受講も可能です。

受講手続は、4/5（水）に行う受講ガイダンス終了後、農学部2号館2階化学第一講義室で受け付けるほか、4/6（木）～4/12（水）の午後1時～6時に、農学部2号館地下1階14-2号室にある本プログラム事務局で受け付けます。

手続には、身分証（学生は学生証、社会人は運転免許証など住所と生年月日の記載のある公的な証明書）が必要ですので、必ずお持ちください。また、E-mailアドレスの記入が必要ですので、手続の際にわかるようにしてください。

受講手続は上記以降も受け付けますが、**講義への出席には受講証の提示が必要です**。必ず事前に受講手続を行い、受講証の交付を受けてください。

受講ガイダンス

4/5（水） 午後5時15分～6時

場所：農学部2号館2階化学第一講義室

受講手続日程

4/5（水） 受講ガイダンス終了後

場所：農学部2号館2階化学第一講義室

4/6（木）～4/12（水） 午後1時～6時

場所：農学部2号館地下1階14-2号室 本プログラム事務局

持ち物

身分証（学生は学生証、社会人は公的な証明書）、E-mailアドレス

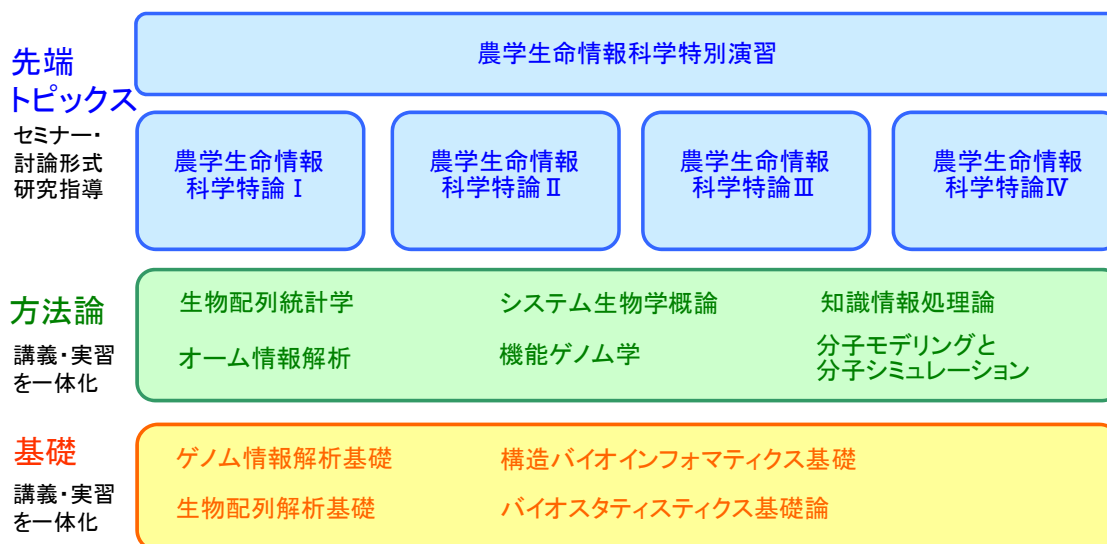
3. 講義科目の概要（詳細は6ページ以降をご覧ください）

本プログラムで開講する講義科目は、大きく3つのカテゴリー（基礎、方法論、先端トピックス）に分けられます。

「基礎」の科目（生物配列解析基礎、ゲノム情報解析基礎、バイオスタティスティクス基礎論、構造バイオインフォマティクス基礎）は、主にバイオインフォマティクスを利用した研究経験のない方を対象としています。生命科学のための各種データベースの利用法やバイオインフォマティクスを利用した様々なツールの利用法、統計の基礎を学ぶことができます。

「方法論」の科目（知識情報処理論、生物配列統計学、分子モデリングと分子シミュレーション、オーム情報解析、機能ゲノム学、システム生物学概論）では、「基礎」の科目を土台として、様々な実験手法（トランスクリプトーム解析法、質量分析法など）や計算機的手法（パターン認識や機械学習、統計モデルやモデル選択、分子シミュレーション法、データ正規化や多重比較問題への対処）について解説します。

「先端トピックス」の科目のうち農学生命情報科学特論では、企業や大学の研究者が、それぞれの最先端の研究課題について講義・実習を行います。ここでは、バイオインフォマティクスの実際の活用例に触れることで、個々の研究課題へのフィードバックを目指します。また、農学生命情報科学特別演習では、本プログラム教員による研究指導を受けることができます。



4. 講義科目一覧

科目番号	科目名	ターム*・単位	実施曜日
3912135	生物配列解析基礎	S1・1	水曜日
3912136	ゲノム情報解析基礎	S1・1	月曜日
3912103	バイオスタティスティクス基礎論	S1・1	金曜日
3912139	構造バイオインフォマティクス基礎	S1・1	木曜日
3912137	知識情報処理論	SP・1	金曜日
3912105	生物配列統計学	S1・1	集中講義
3912106	分子モデリングと分子シミュレーション	S1・1	木曜日
3912138	オーム情報解析	—	開講しない
3912108	機能ゲノム学	S1・1	月曜日
3912109	システム生物学概論	S1・1	集中講義
3912111	農学生命情報科学特論Ⅰ	—	開講しない
3912112	農学生命情報科学特論Ⅱ	—	開講しない
3912140	農学生命情報科学特論Ⅲ	A1・1	集中講義
3912141	農学生命情報科学特論Ⅳ	A1・1	集中講義
3912142	農学生命情報科学特別演習	W・1	不定期

*本プログラムの単位を東京大学大学院農学生命科学研究科の単位とする場合に UT-mate を用いて履修科目登録を行うターム

なお、東京大学大学院農学生命科学研究科修士課程の学生は、以下の専攻授業科目を履修し合格すると連携科目として本プログラムの単位に算入できます。講義の内容・開講時間・開講場所については平成 29 年度の農学生命科学研究科便覧をご確認ください。

3901159	生物測定学特論	S1・2	金曜日 3 限
3908101	情報生命工学	S1・1	月曜日 2 限

5. 受講上の注意

- 講義は、主に農学部 2 号館 2 階化学第一講義室で、17:15-18:45、19:00-20:30 に行います。場所や時間帯についての変更は Web サイトおよびメールで速やかにお知らせします。
- 多くの科目でノートパソコンを使った実習を行います。ノートパソコンは各日の講義開始前に化学第一講義室の入口脇にある映写室にて貸し出し、講義終了後に返却していただきます。ノートパソコンの使用に際しては、教員の指示に従っていただきます。
- 「農学生命情報科学特別演習」の受講を希望される方は、本プログラム事務局までご連絡ください。

- **出席回数が講義回数の半分に満たない場合は、成績評価の対象となりません。**
- 8単位以上合格された方へは、アグリバイオインフォマティクスの専門教育コースを修了したことを認定し、「修了証」を授与します。
- 東京大学大学院農学生命科学研究科の多くの専攻で、本プログラムで受講した科目の一部を修士課程修了に必要な単位に加えることができます。詳細は平成29年度農学生命科学研究科便覧をご覧ください。

6. インフォマティクス・フォーラム

本プログラムでは、研究課題ごとにフォーラムを形成し、セミナー、シンポジウムの開催など、当該研究課題の活性化を図ります。フォーラムのメンバーは、本研究科の教員のほか、他大学、企業、試験研究機関の方々から構成されます。各フォーラム名と設立趣旨は以下の通りです。各フォーラムの世話人、参加メンバー、活動内容についてはWebサイトをご覧ください。各フォーラム主催のセミナーを随時行いますので、積極的な参加をお願いします。

- **微生物インフォマティクス・フォーラム**

DNA塩基配列決定技術の目覚ましい発展により、微生物ゲノム情報は飛躍的に増加しています。よって、微生物学と生物情報科学の融合は必要不可欠であり、様々な角度からの検討を要します。本フォーラムでは、バイオインフォマティクスを基盤として次世代の微生物学の展開を目指します。

- **基盤バイオインフォマティクス・フォーラム**

配列解析、分子進化解析、集団遺伝、遺伝子発現情報解析、システム生物学など、バイオインフォマティクス全般を対象とし、その利用を考えます。オーム研究の実験データ解析を中心に、実験研究者に役立つバイオインフォマティクスの教育研究を行います。

- **アグリ/バイオ・センシングと空間情報学フォーラム**

農学生命科学分野におけるバイオイメージングやリモートセンシングをはじめとしたセンシング技術と得られた情報を統合する手段としての空間情報学の発達にはめざましいものがあります。このため、本フォーラムでは、アグリバイオインフォマティクスの基盤としての生命や環境、食料などにかかわるセンシングと空間情報学についての教育と研究指導、さらには、この分野の社会連携、国際拠点の形成を目指します。

- **食品インフォマティクス・フォーラム**

食品研究は、農学生命科学分野の重要な柱の一つです。ニュートリゲノミクスに代表される、食品研究と生命情報科学の融合は、近年めざましい成果を挙げつつあります。本フォーラムでは、食品研究にさらに情報科学を積極的に取り入れ、この分野を発展させることができる人材の育成と研究指導を行います。また、産業界とも連携し、世界の食品研究をリードすることを目指します。

- **構造バイオインフォマティクス・フォーラム**

生命活動の本質は、タンパク質や核酸など、生体高分子どうしの相互作用と、これに対する応答であり、適切な相互作用形成と応答の基盤は立体構造にあるといえます。本フォーラムでは、構造バイオインフォマティクス、分子モデリング、分子シミュレーション技術を駆使して、立体構造から生体高分子の機能の本質的な理解を目指します。

- **農業生物インフォマティクス・フォーラム**

さまざまな作物、園芸植物と、それらに寄り添う昆虫や微生物、さらにそれらが構成する農業生態系を対象としたインフォマティクスを展開します。遺伝子、分子、細胞、個体、生態系、環境といった異なる階層ごとの情報を処理する技法を研究するとともに、それらの情報を俯瞰的に分析、統合することのできる人材を育てます。

- **植物インフォマティクス・フォーラム**

植物研究は農学の重要な柱です。近年の DNA 塩基配列決定技術の目覚ましい発展などにより各種作物ゲノムの解析が進められ、また品種間のゲノム配列の違いが明らかにされつつあります。これらの情報を駆使し植物の示す様々な振る舞いを高度に理解し制御するためには、生物情報科学が不可欠になっています。本フォーラムでは、バイオインフォマティクスを利用して新たな植物科学を推進します。

7. 講義科目詳細

科目名	生物配列解析基礎 (科目番号: 3912135)
	Introduction to Biological Sequence Analysis
担当教員	清水謙多郎、大島研郎
実施日	4/19(水), 4/26(水), 5/10(水), 5/17(水)
<u>授業の目標・概要</u> 生命科学のためのデータベースの利用と基本的な解析手法について講義します。配列データベースや機能データベースの使用法を紹介するとともに、ホモロジー検索、モチーフ解析、Perl プログラミング、系統解析などの基本的な手法について、実習形式で解説します。	
<u>授業計画</u> 以下を予定しています： 1) 「配列データベースとホモロジー検索」とその実習 2) 「配列から機能を予測するさまざま手法」とその実習 3) 「ゲノムデータベースとプログラミング」とその実習 4) 「分子進化と系統樹作成」とその実習	
<u>授業の方法</u> ノート PC を用いた実習形式で授業を進めます。	
<u>成績評価の方法</u> 出席および実習のレポートの内容に基づいて総合的に評価します。	
<u>参考書など</u> 特に指定しませんが、以下の書籍が参考になります： 郷通子、高橋健一編集、基礎と実習 バイオインフォマティクス、共立出版、2004 Cynthia Gibas、Per Jambeck 著、実践 バイオインフォマティクス、オライリー・ジャパン、2002 藤 博幸 編集、はじめてのバイオインフォマティクス、講談社、2006 深沢千尋 著、すぐわかる Perl、技術評論社、1999	
<u>履修上の注意</u> Windows PC の基本的な操作ができること。	
<u>その他</u> バイオインフォマティクス関連の各種データベースにアクセスしたことのない人は、ぜひ本講義を受講して下さい。	

科目名	ゲノム情報解析基礎（科目番号：3912136）
	Introduction to Genome Informatics
担当教員	嶋田透、勝間進、門田幸二
実施日	4/17(月), 4/18(火), 4/24(月), 5/1(月)
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>次世代シーケンサーの普及により、ゲノム情報を基盤とした膨大な塩基配列情報を自在に解析するスキルが要求される時代になっています。フリーソフトウェア R を用いて、配列決定後の基礎情報取得など各種配列解析の基本スキル向上を目指した実習を含む講義を行います。また、ウェブツールなどを用いて遺伝子領域の予測やアノテーションなどゲノム情報を比較または解析するための手法について解説します。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>以下を予定しています：</p> <p>1) 4/17</p> <p>5 限（嶋田）：ゲノムからの遺伝子予測</p> <p>6 限（門田）：バイオインフォマティクス基礎知識、R のイントロダクション</p> <p>2) 4/18</p> <p>5-6 限（門田）：R で塩基配列解析 1（multi-FASTA ファイルの各種解析）</p> <p>3) 4/24</p> <p>5 限（嶋田）：ゲノムアノテーション（遺伝子機能の推定、RNA-seq などによる発現解析、比較ゲノム解析）</p> <p>6 限（門田）：R で塩基配列解析 2（R パッケージ、k-mer 解析の基礎）</p> <p>4) 5/1</p> <p>5 限（勝間）：非コード RNA、小分子 RNA、エピジェネティクス</p> <p>6 限：小テスト</p> <p><u>授業の方法</u></p> <p>ノート PC を用いた実習形式で授業を進めます。</p> <p><u>成績評価の方法</u></p> <p>出席および小テストなどの内容に基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書など</u></p> <p>特になし</p> <p><u>履修上の注意</u></p> <p>Windows PC の基本的な操作ができること。</p> <p>本プログラム所有 PC の利用を基本としますが、個人所有 PC の利用を希望する方は http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install を参考にして R および各種 R パッケージのインストールをしておいて下さい。</p>	

科目名	バイオスタティスティクス基礎論（科目番号：3912103）
	Introduction to Biostatistics
担当教員	岩田洋佳
実施日	4/7（金）、4/14（金）、4/21（金）、4/28（金）
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>統計解析ソフトウェア R を用いてバイオスタティスティクス基礎（生物統計学基礎）を学びます。初めて R を使用する受講生を対象に考え、ノートパソコンを使用した実習中心の講義を行います。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>以下を予定しています：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) R でデータを視覚化する 2) 回帰分析、分散分析 3) 主成分分析、多次元尺度構成法 4) 階層的クラスタ解析、非階層的クラスタ解析 <p><u>授業の方法</u></p> <p>ノート PC を用いた実習形式で授業を進めます。</p> <p><u>成績評価の方法</u></p> <p>出席およびレポートに基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書など</u></p> <p>講義中に、さらに深く学習するための参考書を紹介します。</p> <p><u>履修上の注意</u></p> <p>Windows PC の基本的な操作ができること。</p> <p><u>その他</u></p> <p>本プログラム所有 PC の利用を基本としますが、個人所有 PC の利用を希望する方は http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install を参考にし、て R および各種 R パッケージのインストールをしておいて下さい。</p>	

科目名	構造バイオインフォマティクス基礎（科目番号：3912139） Introduction to Structural Bioinformatics
担当教員	寺田透、永田宏次、清水謙多郎
実施日	4/13(木), 4/20(木), 4/27(木), 5/11(木)
<p><u>授業の目標・概要</u> タンパク質立体構造データベースの利用とその応用について解説します。また、立体構造決定における情報処理手法について解説します。</p> <p><u>授業計画</u> 以下を予定しています： 1) 立体構造データベースの利用と立体構造データの可視化 2) X線結晶構造解析による立体構造決定のインフォマティクス 3) 立体構造からの情報抽出 4) 立体構造のモデリング</p> <p><u>授業の方法</u> ノート PC を用いた実習形式で授業を進めます。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 出席および実習のレポートの内容などに基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書など</u> 特になし</p> <p><u>履修上の注意</u> Windows PC の基本的な操作ができること。</p>	

科目名	知識情報処理論（科目番号：3912137）
	Knowledge Information Processing
担当教員	麻生川稔
実施日	9/15(金), 9/22(金), 9/29(金), 10/6(金), 10/13(金), 10/20(金), 10/27(金) ※講義時間が他の講義と異なり 17:15-19:00 となります。
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>(授業計画に例示した)パターン認識と機械学習の手法の紹介を行います。最終的にこれらの手法の基本的な概念を会得していただき、「各自が直面するであろう研究的な課題」に適用し、計算機を用いて実験データから発見ができる (or もしくはその手がかりを見つける) ことを目標とします。そのために、各手法について、実習を交えながら講義します。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>バイオインフォマティクス研究の為に必要な統計的解析手法と機械学習手法について基本的なメカニズムを理解し、各自の研究データにこれらの手法が適用できるように</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) ニューラルネットワークの基礎、学習アルゴリズム 2) 判別分析、ニューラルネットワークの応用例 3) 学習済みニューラルネットワークの解析法、ディープラーニング、相関解析、クラスタ分析、主成分分析 4) カーネル関数を用いた学習(SVM) 5) 決定木 6) 隠れマルコフモデル <p>などを講義する予定です。講義中の実習はすべて R を用いて行います。</p> <p><u>授業の方法</u></p> <p>ノート PC を用いた実習形式で授業を進めます。</p> <p><u>成績評価の方法</u></p> <p>昨年度（平成 28 年度）は、「全 7 回の講義中 5 回の出席で“良”。“優”を取るには提出レポートで判断」としました。</p> <p>この基準は、学生の習熟度などに応じて適宜変更します。</p> <p><u>履修上の注意</u></p> <p>Windows と R の基本的な操作ができること。</p> <p><u>その他</u></p> <p>本プログラム所有 PC の利用を基本としますが、個人所有 PC の利用を希望する方は http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install を参考にして R および各種 R パッケージのインストールをしておいて下さい。</p>	

科目名	生物配列統計学（科目番号：3912105）
	Sequence Statistics and Mathematical Biology
担当教員	岸野洋久、長谷川政美
実施日	5/23(火), 5/24(水), 5/25(木), 5/26(金)
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>生物配列を比較して、進化の歴史と適応進化、群集の多様性をはかる方法を解説します。ビッグデータの落とし穴を見ぬき、偏りのない推定を行う方法を学びます。また、統計モデルを通して、表現型と生物配列の情報を統合して分析する方法を学びます。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>以下を予定しています：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) 生物進化学概論 2) 分子進化の統計モデル 3) 最尤法、モデル選択、ベイズ推定 4) 分子進化速度と分岐年代 5) 適応進化の検出 6) 表現型データと配列情報の統合 7) ゲノム進化の多変量解析 8) ビッグデータの落とし穴：配列長と taxon sampling、情報の質と量 <p><u>授業の方法</u></p> <p>授業前半では最新の実証研究とこれを支える分析手法を紹介し、後半にノート PC を用いた実習を行い、実践力を身につけます。</p> <p><u>成績評価の方法</u></p> <p>出席および実習のレポートの内容などに基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書など</u></p> <p>特になし</p> <p><u>履修上の注意</u></p> <p>Windows PC の基本的な操作ができること。特に事前の知識は仮定しませんが、統計言語 R を通して統計解析とモデリングのエッセンスを紹介しますので、使い方などある程度ご準備ください。</p> <p><u>その他</u></p> <p>短い時間ですが、この授業を通して、みなさんが、それぞれの方法が何らかの仮定をしていることに気づき、信頼性の高いデータ分析を行っていただけるようになればいいな、と思っています。</p>	

科目名	分子モデリングと分子シミュレーション (科目番号 : 3912106)
	Molecular Modeling and Simulation
担当教員	寺田透
実施日	6/8(木), 6/15(木), 6/22(木), 6/29(木)
<p><u>授業の目標・概要</u> 分子軌道法、分子力学法、分子動力学法、モンテカルロ法、およびこれらの応用である複合体モデリングについて解説し、実習を行います。</p> <p><u>授業計画</u> 以下を予定しています :</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) 分子軌道法 2) 分子力学法 3) 分子動力学法 4) モンテカルロ法 5) 複合体モデリング <p><u>授業の方法</u> ノート PC を用いた実習形式で授業を進めます。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 出席および実習のレポートの内容に基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書など</u> 特に指定しませんが、以下の書籍が参考になります。 岡崎 進著、コンピュータシミュレーションの基礎、化学同人、2000</p> <p><u>履修上の注意</u> Windows PC の基本的な操作ができること。</p>	

科目名	機能ゲノム学 (科目番号 : 3912108)
	Functional Genomics
担当教員	門田幸二
実施日	5/8(月), 5/15(月), 5/22(月), 5/29(月)
<p>授業の目標・概要</p> <p>細胞中で発現している全転写物 (トランスクリプトーム) の解析技術は、マイクロアレイから次世代シーケンサ (RNA-seq) に移行しつつあります。しかし RNA-seq データ解析の多くは、マイクロアレイの知識を前提としています。本科目では、マイクロアレイデータを主な例として、各種トランスクリプトーム解析手法について解説します。また、R のスキルアップを目指します。</p> <p>授業計画</p> <p>以下を予定しています :</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) 原理、各種データベース、生データ取得 教科書の 1.2 節、2.2 節周辺 2) 数値行列作成、クラスタリング、実験デザイン 教科書の 3.2 節周辺 3) 発現変動解析 (多重比較問題と FDR)、各種プロット (M-A plot) 教科書の 3.2 節、4.2 節周辺 4) 機能解析 (Gene Ontology 解析やパスウェイ解析) <p>授業の方法</p> <p>ノート PC を用いた実習形式で授業を進めます。</p> <p>成績評価の方法</p> <p>出席およびレポートまたは小テストに基づいて総合的に評価します。</p> <p>教科書</p> <p>受講者は各自で以下の教科書を用意してください。 門田幸二 著 (金明哲 編)、「シリーズ Useful R ⑦ トランスクリプトーム解析」、共立出版、2014。ISBN:978-4-320-12370-0</p> <p>履修上の注意</p> <p>Windows PC の基本的な操作ができること。 本科目受講希望者は、「ゲノム情報解析基礎」を (受講済みであることを前提とした講義を行いますので) 受講しておいてください。 本プログラム所有 PC の利用を基本としますが、個人所有 PC の利用を希望する方は http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install を参考にして R および各種 R パッケージのインストールをしておいて下さい。</p>	


科目名	システム生物学概論（科目番号：3912109）
	Introduction to Systems Biology
担当教員	有田正規
実施日	6/5(月), 6/6(火), 6/7(水) ※講義時間は他の講義と異なり集中講義のため、10:25-16:40です。
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>「生命をシステムとして理解する」ために必要な、オミックス研究データの統計的、グラフ論的手法について解説します。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>集中講義形式でネットワーク生物学・定量生物学・合成生物学と呼ばれる分野を概観します。定義があまりはっきりしない分野のため、理論というより様々な研究動向をPPTで解説する形式を取ります。集中講義形式のため3日間で7コマ分の授業を行います。</p> <p><u>授業の方法</u></p> <p>パワーポイントを利用した講義が中心ですが、一部、ノートPCを利用した、ネットワーク生物学ツールの実習も行います。</p> <p><u>成績評価の方法</u></p> <p>評価は出席および授業後におこなう簡単な理解度テストを総合的に判断します。</p> <p><u>参考書</u></p> <p>Systems Biology: Simulation of Dynamic Network States by Bernhard O Palsson, Cambridge Univ Press, 2011 「システム生物学入門」Uri Alon 著、倉田・宮野 訳 共立出版 2008 「生命の数理」岩佐庸 著 共立出版 2008</p> <p><u>履修上の注意</u></p> <p>特になし</p>	

科目名	農学生命情報科学特論 III (科目番号 : 3912140)
	Special Lectures on Agricultural Bioinformatics III
担当教員	嶋田 透
実施日	11/1(水),11/8(水),11/15(水),11/22(水),11/29(水)
<p><u>授業の目標・概要</u> 作物、園芸植物、昆虫などの農業生物と、それらに影響を与える環境条件や微生物等、さらにそれらが構成する農業生態系ないし生産システムを対象としたインフォマティクスを学ぶ。</p> <p><u>授業計画</u> 農業生物の遺伝子、分子、細胞、個体、生態系、環境といった異なる階層ごとの情報を処理する技法、さらに植物、昆虫、微生物の多様な生命現象とそれらの相互作用を扱うインフォマティクスを講義する。</p> <p><u>授業の方法</u> 講演・セミナー形式</p> <p><u>成績評価の方法</u> 出席、レポート、受講態度による総合評価</p> <p><u>参考書など</u> とくに準備する必要はない。講義中に、当該分野をさらに深く学習するための文献を紹介する場合がある。</p> <p><u>履修上の注意</u> 5回の講義は、すべて農学部2号館1階の化3講義室で行う。</p>	

科目名	農学生命情報科学特論 IV (科目番号 : 3912141)
	Special Lectures on Agricultural Bioinformatics IV
担当教員	野尻秀昭
実施日	決定次第 WEB 上で公開
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>農業生産、発酵を含む農産物生産、排水処理、環境浄化には、目に見えない微生物の力が利用されている。また、地球規模で考えれば、炭素・窒素・リン・鉄など種々の元素の循環に、微生物はメインプレイヤーの一つとして活躍している。一方で、微生物は目に見えず、多数の種で構成される集団として生活していることから、解析では情報科学的手法が使われることが多い。本特論では、微生物研究にどの様にインフォマティクスが利用され、興味深い知見が得られているのかを学ぶ。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>集団の内容を知る菌相解析、ゲノム機能の発現様式を知る各種の解析など、多様な微生物現象とそれらの機能メカニズムを探るインフォマティクスを講義する。</p> <p><u>授業の方法</u></p> <p>講演・セミナー形式</p> <p><u>成績評価の方法</u></p> <p>出席、レポート、受講態度による総合評価</p> <p><u>参考書など</u></p> <p>とくに準備する必要はない。講義中に、当該分野をさらに深く学習するための文献を紹介する場合がある。</p> <p><u>履修上の注意</u></p> <p>開講日時や詳細な内容については WEB 上で公開する。</p>	

科目名	農学生命情報科学特別演習（科目番号：3912142）
	Research Exercise on Agricultural Bioinformatics
担当教員	本プログラム教員
実施日	担当教員の指示による
<p><u>授業の目標・概要</u> アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラムの教員が研究指導補助を行う特別演習です。</p> <p><u>授業計画</u> 学生が所属する研究室の指導教員との合意に基づいて、本プログラムの教員がバイオインフォマティクスに関する研究指導補助を行います。</p> <p><u>授業の方法</u> 研究指導による演習です。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 研究指導を受けた学生は、例年2月に行われる審査会で研究内容を発表していただきます。口頭試問の結果、バイオインフォマティクスを農学・生命科学の研究に有効に適用している、あるいはバイオインフォマティクスの分野の発展に寄与していると認められれば単位と認定証が与えられます。</p> <p><u>参考書など</u> 特になし</p> <p><u>履修上の注意</u> 受講を希望する学生は必ず本プログラム事務局までご連絡ください。</p>	

講習会のお知らせ

平成 29 年度 NGS ハンズオン講習会	
担当教員	本プログラム教員ほか
実施日	決定次第 WEB 上で公開
<p><u>概要</u></p> <p>アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラムでは、プログラムの一環としてセミナーやシンポジウムを開催しています。特に平成 26 年度から本プログラム教員が世話人となり、科学技術振興機構バイオサイエンスデータベースセンター(NBDC)と共催している次世代シーケンサー(NGS)ハンズオン講習会は毎年多くの受講生が参加しています。平成 29 年度も 8 月末に実施予定です。詳細が決定し次第 web ページにてお知らせします。</p> <p><u>講習会内容 (予定)</u></p> <p>最も効率的なデータ解析環境である Linux 上で次世代シーケンサー(NGS)解析を自在に行うための実習を行います。初心者向けですが、例年同様比較的厳しい予習を課す予定です。過去の講習会内容や予習事項については、下記の講習会ページをご覧ください。</p> <p>https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop</p> <div style="text-align: center;"><p>NBDC National Bioscience Database Center</p></div>	

8. プログラムメンバー

プログラムメンバーは、プログラム実施主体であるアグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット所属教員と、農学生命科学研究科および生物生産工学研究センターに所属する兼任教員、他大学、研究所等に所属する非常勤講師により構成されています。

ユニット代表者		
農学生命科学研究科長 丹下 健		
ユニット所属教員（常勤）		
特任准教授	寺田 透	tterada@iu.a.u-tokyo.ac.jp
特任准教授	門田 幸二	kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp
兼任教員（運営・講義担当）		
教授	清水 謙多郎	農学生命科学研究科 応用生命工学専攻
教授	岸野 洋久	農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻
特任教授	阿部 啓子	農学生命科学研究科 応用生命化学専攻
特任教授	田之倉 優	農学生命科学研究科 応用生命化学専攻
教授	嶋田 透	農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻
教授	野尻 秀昭	生物生産工学研究センター
兼任教員（講義担当）		
准教授	岩田 洋佳	農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻
准教授	勝間 進	農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻
准教授	永田 宏次	農学生命科学研究科 応用生命化学専攻
非常勤講師		
教授	大島 研郎	法政大学 生命科学部 応用植物科学科
教授	長谷川 政美	統計数理研究所
教授	有田 正規	国立遺伝学研究所 生命情報研究センター
主席技術主幹	麻生川 稔	日本電気(株)第二官公ソリューション事業部

9. 事務局連絡先

事務局の連絡先は以下の通りです。なお、ユニット所属教員の居室も兼ねております。講義のことでわからないこと、ご自身の研究でバイオインフォマティクスに関する相談などありましたら、お気軽にお越してください。メールでの問い合わせなどでも結構です。全講義終了後に本プログラムの成績証明書を発行いたします。発行を希望される方は事務局までお問い合わせください。

〒113-8657 東京都文京区弥生 1-1-1

東京大学大学院農学生命科学研究科

アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム 事務局 三浦 文

電話：03-5841-2395、FAX：03-5841-1136

E-mail：info@iu.a.u-tokyo.ac.jp、URL：http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp

携帯サイト URL：http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/i/



弥生キャンパス地図：事務局は農学部2号館地下1階（14-2号室）にあります。

