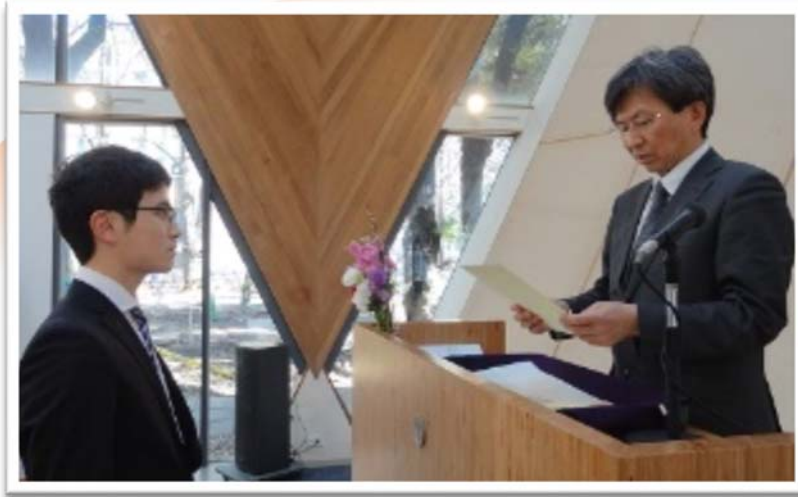


2019 年度
アグリバイオインフォマティクス
教育研究プログラム
受講生募集要項



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15年間にのべ5800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（金）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、4/8（月）～4/12（金）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（金） 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（金） 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

4/8（月）～4/12（金） **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

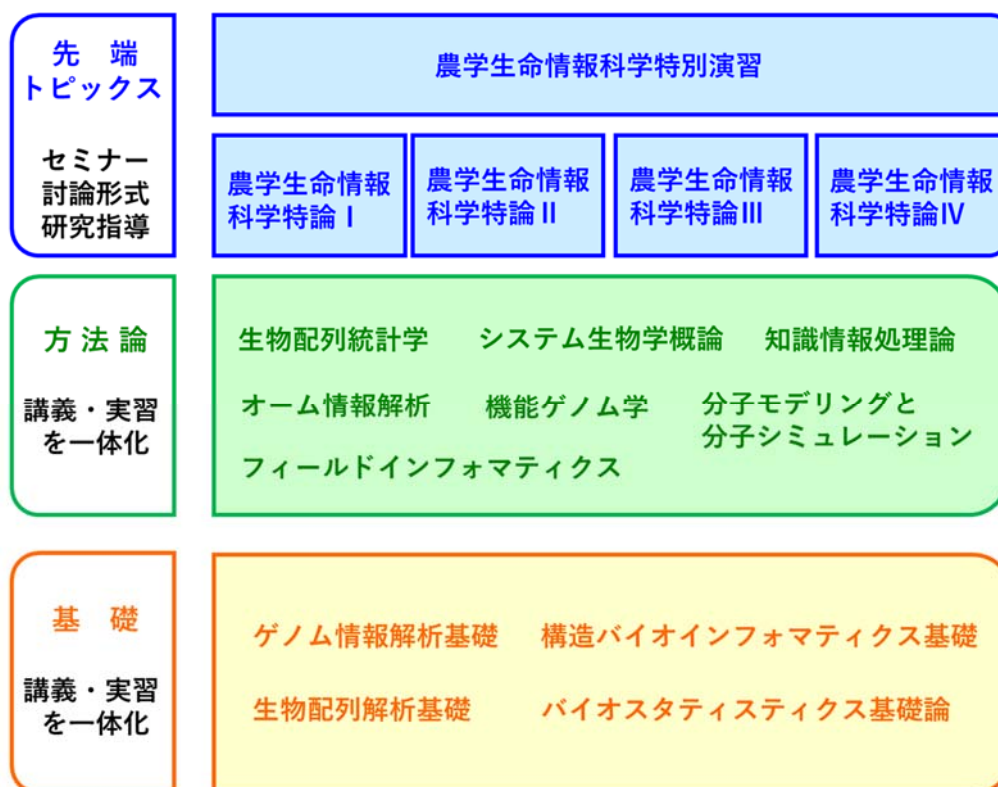
3. 講義科目の概要（詳細は5ページ以降をご覧ください）

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、フィールドインフォマティクス）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	水曜日
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
3912157	フィールドインフォマティクス	S1・1	火曜日
3912111	農学生命情報科学特論 I	S1・1	月曜日
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	—	開講しない
3912141	農学生命情報科学特論 IV	S1・1	水曜日
3912142	農学生命情報科学特別演習	W・1	不定期

* UTAS を用いて履修科目登録を行うターム

また、今年度から基礎 4 科目が農学展開科目になり、学部の単位に加えることができます。学部での科目番号は以下の通りです。

科目番号	科目名
060700130	生物配列解析基礎
060700140	ゲノム情報解析基礎
060700150	バイオスタティスティクス基礎論
060700160	構造バイオインフォマティクス基礎

なお、東京大学大学院生は、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。

3901159	生物測定学特論	S1・2	金曜日 3 限
3908101	情報生命工学 (情報理工学系研究科「計算生物物理」、 情報学環・学際情報学府「総合分析情報 学特論 XVII」)	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手前にある映写室にて先着順で貸し出し、講義終了後に返却していただきます。貸出開始時間は、基礎科目が 16:50、その他の科目は 17:00 を予定しており、**貸出の際には受講証の提示が必要となります。**
- 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、まず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および東京大学大学院他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。詳細は今年度の研究科便覧をご覧ください。
- 本プログラムで受講した科目の単位を、他大学の修士課程修了に必要な単位や、学位授与機構の学位申請に用いることはできません。

6. 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	4/10(水), 4/17(水), 4/24(水), 5/8(水)
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>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。</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) 「配列データベースとホモロジー検索」とその実習 2) 「ゲノムデータベースとプログラミング」とその実習 3) 「配列から機能を予測するさまざまな手法」とその実習 4) 「分子進化と系統樹作成」とその実習 <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></p> <p>特に指定しませんが、以下の書籍が参考になります：</p> <p>藤博幸 編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018</p> <p>坊農秀雄、生命科学データ解析、MEDSi、2017</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>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。</p>	

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	門田幸二
実施日	4/8(月), 4/15(月), 4/22(月), 5/13(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 R を用いた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。</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) バイオインフォマティクスのイントロダクション 2) R の基本的な利用法 3) R で塩基配列解析（multi-FASTA ファイルの各種解析） 4) R パッケージの話（CRAN と Bioconductor） 5) ゲノムアノテーション <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>藤博幸 編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018 坊農秀雄・小野浩雅 監修、生命科学データベース・ウェブツール、MEDSi、2018 坊農秀雄、生命科学データ解析、MEDSi、2017</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。 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	4/19 (金), 5/10(金), 5/24(金), 5/31(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 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	4/11(木), 4/18(木), 4/25(木), 5/9(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：</p> <ol style="list-style-type: none"> 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><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	9/6(金), 9/13(金), 9/20(金), 9/27(金), 10/4(金), 10/11(金), 10/18(金) ※講義時間は他の講義と異なり、17:15-19:00 です。
<p><u>授業の目標・概要</u> (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> 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> 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> 昨年度は、「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。 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> Windows と R の基本的な操作ができること。</p> <p><u>その他</u> 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、北田修一、中道礼一郎
実施日	5/15(水), 5/22(水), 5/29(水), 6/5(水)
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>ゲノムを比較して進化と環境への適応、集団の構造を理解する方法についてご紹介します。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アプローチを学びます。</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) 分子進化 2) 分子系統樹 3) 分子進化速度と分岐年代 4) 適応進化の検出 5) 集団の遺伝的多様性と集団構造 6) 集団分化と環境適応のネットワーク分析 7) 表現型の種間比較と進化のモデリング 8) 分子進化の中立説と表現型進化 <p><u>授業の方法</u></p> <p>授業では最新の实証研究とこれを支える分析手法を紹介した後に、ノート PC を用いた実習で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>特にありません</p> <p><u>履修上の注意</u></p> <p>特に事前の知識はなくても理解できるよう授業を工夫するつもりですが、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する場面がいくつかあります。ある程度統計的な分析に馴染んでいると有難いです。</p> <p><u>その他</u></p> <p>この授業を通して、種間の多様性と種内の多型を形作る適応進化の様相を推測することに興味を持っていただければいいな、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	5/16(木), 5/23(木), 5/30(木), 6/6(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	5/27(月), 6/3(月), 6/10(月), 6/17(月)
<p><u>授業の目標・概要</u></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) 解析手法について、特に塩基配列解析部分を中心に解説します。また、R のスキルアップを目指します。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>以下のトピックを予定しています：</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) トランスクリプトーム解析技術の原理や特徴 2) アノテーションファイルを用いた転写物配列取得 3) 公共データベース (DRA の概観やクオリティスコア) 4) FASTQ ファイル、Linux 5) 前処理やクオリティコントロール 6) マッピング、出力ファイル形式 (BAM/SAM, BED) 7) カウント情報取得 <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または小テストに基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書</u></p> <p>藤博幸 編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018 坊農秀雄、生命科学データ解析、MEDSi、2017 門田幸二、シリーズ Useful R ⑦ トランスクリプトーム解析、共立出版、2014</p> <p><u>履修上の注意</u></p> <ul style="list-style-type: none"> ・ Windows PC の基本的な操作ができること。 ・ 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。 ・ フリーソフトウェア R の基本的な利用法を習得済みであることを前提として行いますので、http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#users_guide を参考にして基礎的な事柄を理解しておいてください。 	

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	6/7(金), 6/14(金), 6/21(金) ※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。 ※講義室は農学部2号館1階化学第3講義室です。
<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	フィールドインフォマティクス（科目番号：3912157）
	Field Informatics
担当教員	大森良弘
実施日	5/14(火), 5/21(火), 5/28(火), 6/4(火)
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>耕地や農業施設等のフィールドにおける植物生産の量と質は、作物のゲノム情報のみで一義的に決まるのではなく、時間的空間的に変化する環境条件、土壌条件、および微生物等との相互作用の結果として決定しています。現在、ドローンや圃場環境センサーをはじめとする種々の観測装置が発達し、圃場全体からビッグデータが生成・収集されています。一方で、分析機器の高度化により、フィールド栽培植物を対象としたゲノム・トランスクリプトーム・メタボローム・イオノームやマイクロバイオームなどの膨大なオミクス情報が蓄積されています。これらの情報を最大限に活用した育種、および生産の効率化・最適化を実現するために必要となるフィールドインフォマティクスの理論と技術を実習形式で解説します。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>生産・環境生物学専攻の井澤教授・岩田准教授、附属生態調和農学機構の郭特任助教、理化学研究所の市橋博士、さきがけ研究者の戸田博士、龍谷大学の鹿島博士、ならびにエルピクセル株式会社の登内氏、榊原氏を加えた講師陣により、フィールドから得られる画像やゲノム・トランスクリプトーム・イオノーム情報を使った様々な研究手法を解説する予定です。</p> <p><u>授業の方法</u></p> <p>ノート PC を用いた演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、レポート、受講態度による総合評価を行います。</p> <p><u>参考書</u></p> <p>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ります。</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Ⅰ（科目番号：3912111） Special Lectures on Agricultural BioinformaticsⅠ
担当教員	門田幸二
実施日	7/1(月), 7/8(月), 7/22(月), 7/29(月)
<p><u>授業の目標・概要</u> 次世代シーケンサー(NGS)は、農学生命科学を含む様々な分野で利用されています。本科目では、NGS を用いた発現解析（RNA-seq カウントデータ解析）に関する内容を中心に、プログラムの使い分けや結果の解釈などの講義を行います。</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) データの正規化（RPK, RPM, RPKM） 2) クラスタリング 3) 発現変動解析（多重比較問題と FDR、2 群間、3 群間比較、デザイン行列） 4) 機能解析（遺伝子セット解析、GSEA、MSigDB、GSVA） <p><u>授業の方法</u> ノート PC を用いた実習形式で、主に R を用いて授業を進めます。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 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><u>参考書</u> 藤博幸 編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018 坊農秀雄、生命科学データ解析、MEDSi、2017 門田幸二、シリーズ Useful R ⑦ トランスクリプトーム解析、共立出版、2014</p> <p><u>履修上の注意</u> ・「機能ゲノム学」の履修上の注意に準ずる。 ・本講義の多くは「機能ゲノム学」の補完的な内容となりますので、必須ではありませんが「機能ゲノム学」とセットでの受講を勧めます。</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	7/3(水), 7/10(水), 7/31(水), 8/7(水) ※講義時間は他の講義と異なり、13:00-16:40です。 ※講義室は第1回から3回が農学部2号館1階化学第3講義室、第4回は農学部2号館2階化学第1講義室です。
<p><u>授業の目標・概要</u> 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ー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、環境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> 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> 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> 特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> 特になし</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>	

7. 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、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		
農学生命科学研究科長 堤 伸浩		
ユニット教員		
准教授	寺田 透	tterada@iu.a.u-tokyo.ac.jp
准教授	門田 幸二	kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp
特任准教授	大森 良弘	ayohmori@g.ecc.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
教授	野尻 秀昭	農学生命科学研究科 生物生産工学研究センター
准教授	永田 宏次	農学生命科学研究科 応用生命化学専攻
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
協力教員（講義担当）		
教授	大島 研郎	法政大学 生命科学部 応用植物科学科
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
プログラム事務局職員		
学術支援職員	三浦 文	学術支援職員 寺田 朋子

8. 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ご相談などありましたら、お気軽にお越しください。メールでのご質問やお問い合わせなども承ります。

また、外部の方には全講義終了後に本プログラムの成績証明書を発行することも可能です。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：03-5841-8155、FAX：03-5841-1136

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

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。

