

字面を追っていけば内容を理解できる構成にしていますので、オンデマンド配信は必ずしも見る必要はありません。科目ごとの情報はITC-LMSでも見られますので、このガイダンス資料は、アグリバイオインフォマティクスの全体像や開講科目の関係性などを理解するのが主旨です。

2023年(令和5)度 受講ガイダンス資料

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
<https://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/>

メール: info@iu.a.u-tokyo.ac.jp
Twitter: @Agribio_utokyo

目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- 受講上の注意(受講生募集要項page 4)
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- アグリバイオの教科書
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

はじめに1

①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ホームページ。②各種お知らせは、③受講に関する情報と、④講義に関する情報に分けて随時更新しています。

ホーム | アグリバイオインフォマティクス × +
iu.a.u-tokyo.ac.jp



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ユニット

Agricultural Bioinformatics Research Unit

+ サイトマップ + English

受講生の方へ

研究者の方へ

- + ホーム
- + 本ユニットについて
- + メンバー
- + 教育プログラム
- + 教科書
- + イベント
- + お問い合わせ
- + リンク



東京大学
THE UNIVERSITY OF TOKYO

ようこそ!!

アグリバイオインフォマティクス
教育研究ユニットへ

バイオインフォマティクスの実践的基礎教育から、
関連した農学生命科学の教育と研究指導、
本分野の社会連携、国際拠点の形成を目指して

②

お知らせ - 受講に関する更新情報

- ▶ 2023年度受講生募集要項や講義詳細については3月中旬に公開予定です。(3月2日更新)
NEW!!
- ▶ 東京大学の学生で受講を希望される方は、[こちら](#)をご覧ください。

③

④

お知らせ - 講義に関する更新情報

- ▶ アグリバイオの教科書が刊行されました。[web連携テキスト](#)も充実の内容です。

はじめに2

①「本ユニットについて」のページ。②「概要・目的」のところに記載されていますが…

本ユニットについて | アグリバイオインフ × +

iu.a.u-tokyo.ac.jp/main_about.html

+ サイトマップ + English

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ユニット
Agricultural Bioinformatics Research Unit

受講生の方へ 研究者の方へ

ホーム > 本ユニットについて

本ユニットについて

- ▼ 概要・目的 ▼ プログラムの経緯 ▼ カリキュラム・活動内容
- ▼ 教育実績 (平成16~20年度; 人材養成プログラム)
- ▼ 教育実績 (平成21年度以降; 教育研究プログラム)

概要・目的

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。

東京大学 THE UNIVERSITY OF TOKYO

東... Jan 6

特任准教授 特任助教 兼任教員 大学院 農学生命科学研究科

アグロ バイオテクノロジー 研究センター

機能性食品の開発

微生物を利用した有用化合物の生産

微生物を利用した環境修復

バイオインフォマティクスを利用した新しい農学研究の展開

実験研究者が

はじめに3

①「本ユニットについて」のページ。②「概要・目的」のところにも記載されていますが、③バイオインフォマティクスの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研究指導を行っています。

本ユニットについて | アグリバイオインフ × +
iu.a.u-tokyo.ac.jp/main_about.html#1

概要・目的

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」は、バイオインフォマティクスの実践的基礎教育から、バイオインフォマティクスに関連した農学生命科学の教育と研究指導、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。

はじめに4

④ページ下部に移動。⑤1科目以上の合格者数は、昨年度までの過去14年間で2,475名。⑥のべ合格者数は6,649名。1人当たり平均で、 $6,649/2,475 = 2.69$ 科目に合格しています。

本ユニットについて | アグリバイオインフ × +
iu.a.u-tokyo.ac.jp/main_about.html

年度		1科目以上の合格者数					延べ合格者数
西暦	和暦	学部	修士	博士	社会人	合計	
2009	H21	6(0)	64(2)	9(0)	1(0)	80(2)	185
2010	H22	5(0)	100(7)	14(4)	11(1)	130(12)	362
2011	H23	7(1)	91(7)	23(6)	19(6)	140(20)	461
2012	H24	7(0)	113(7)	16(3)	32(3)	168(13)	510
2013	H25	9(2)	115(8)	20(3)	26(2)	170(15)	430
2014	H26	4(0)	105(7)	21(3)	55(12)	185(22)	561
2015	H27	9(1)	139(11)	25(2)	34(6)	207(20)	629
2016	H28	5(0)	140(4)	25(2)	20(3)	190(9)	486
2017	H29	2(0)	143(2)	17(0)	28(2)	190(4)	487
2018	H30	1(1)	145(7)	20(6)	26(6)	192(20)	541
2019	R1	8(0)	150(3)	10(2)	18(4)	186(9)	491
2020	R2	11(0)	150(11)	15(2)	0(0)	176(13)	482
2021	R3	17(0)	153(4)	16(3)	29(5)	215(12)	516
2022	R4	24(0)	164(8)	36(2)	22(6)	246(16)	508
合計(2009-2022)		115(5)	1772(88)	267(38)	321(56)	2475(187)	6649
総合計(2004-2022)		115(5)	2073(162)	307(49)	342(62)	2778	



はじめに5

④ページ下部に移動。⑤1科目以上の合格者数は、昨年度までの過去14年間で2,475名。⑥のべ合格者数は6,649名。1人当たり平均で、 $6,649/2,475 = 2.69$ 科目に合格しています。⑦受講者層としては、修士課程(特に修士1年)が多数派です。

本ユニットについて | アグリバイオインフ × +

iu.a.u-tokyo.ac.jp/main_about.html

年度		1科目以上の合格者数					合計	
西暦	和暦	学部	修士	博士	社会人			
2009	H21	6(0)	64(2)	9(0)	1(0)	80(2)	185	
2010	H22	5(0)	100(7)	14(4)	11(1)	130(12)	362	
2011	H23	7(1)	91(7)	23(6)	19(6)	140(20)	461	
2012	H24	7(0)	113(7)	16(3)	32(3)	168(13)	510	
2013	H25	9(2)	115(8)	20(3)	26(2)	170(15)	430	
2014	H26	4(0)	105(7)	21(3)	55(12)	185(22)	561	
2015	H27	9(1)	139(11)	25(2)	34(6)	207(20)	629	
2016	H28	5(0)	140(4)	25(2)	20(3)	190(9)	486	
2017	H29	2(0)	143(2)	17(0)	28(2)	190(4)	487	
2018	H30	1(1)	145(7)	20(6)	26(6)	192(20)	541	
2019	R1	8(0)	150(3)	10(2)	18(4)	186(9)	491	
2020	R2	11(0)	150(11)	15(2)	0(0)	176(13)	482	
2021	R3	17(0)	153(4)	16(3)	29(5)	215(12)	516	
2022	R4	24(0)	164(8)	36(2)	22(6)	246(16)	508	
合計(2009-2022)		115(5)	1772(88)	267(38)	321(56)	2475(187)	6649	
総合計(2004-2022)		115(5)	2073(162)	307(49)	342(62)	2837(278)	7830	

目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- 受講上の注意(受講生募集要項page 4)
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- アグリバイオの教科書
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部の交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

プログラムメンバー1

①教育プログラムメンバー。②代表は研究科長。③ユニット教員は3名。

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ユニット
Agricultural Bioinformatics Research Unit

受講生の方へ 研究者の方へ

ホーム > メンバー

メンバー

- ▼ プログラム代表者 ▼ 専任教員 ▼ 兼任教員 ▼ 協力教員 ▼ 講義担当教員
- ▼ 非常勤講師 ▼ 事務職員

教育プログラムメンバー (2023年度版)

プログラム代表者	▪ 中嶋 康博 / NAKASHIMA Yasuhiro (大学院農学生命科学研究科長 ☒)
ユニット教員	▪ 門田幸二 ☒ (東大・農 / 准教授) ▪ 大森良弘 ☒ (東大・農 / 准教授) ▪ 清水謙多郎 ☒ (東大・農 / 特任教授)
兼任教員 (運営・講義)	▪ 寺田 透 ☒ (東大・農 / 准教授) ▪ 野尻秀昭 ☒ (東大・農 / 教授) ▪ 永田宏次 ☒ (東大・農 / 教授) ▪ 岩田洋佳 ☒ (東大・農 / 教授) ▪ 有田正規 ☒ (国立遺伝学研究所 / 教授)

プログラムメンバー2

①教育プログラムメンバー。②代表は研究科長。③ユニット教員は3名。④兼任教員、協力教員、講義担当教員、非常勤講師、事務職員から構成されています。

東京大学 THE UNIVERSITY OF TOKYO

東... · Jan 6

3月にJBIC会員企業限定ではありますが、講習会を実施します。受講料は無料。是非ご参加ください。

iu.a.u-tokyo.ac.jp/main_event.html

兼任教員 (運営・講義)	<ul style="list-style-type: none">大森良弘 (東大・農 / 准教授)清水謙多郎 (東大・農 / 特任教授)寺田透 (東大・農 / 准教授)野尻秀昭 (東大・農 / 教授)永田宏次 (東大・農 / 教授)岩田洋佳 (東大・農 / 教授)有田正規 (国立遺伝学研究所 / 教授)
協力教員 (講義)	<ul style="list-style-type: none">麻生川稔 (日本電気株式会社 / 主席技術主幹)大島研郎 (法政大学 / 教授)孫建強 (農研機構 / 主任研究員)
講義担当教員	<ul style="list-style-type: none">井澤毅 (東大・農・生産・環境生物学専攻 / 教授)郭威 (東大・農・附属生態調和農学機構 / 准教授)反田直之 (東大・農・応用生命化学専攻 / 助教)越塚登 (情報学環・学際情報学府 / 教授)小林真輔 (情報学環・学際情報学府 / 特任研究員)
非常勤講師	<ul style="list-style-type: none">児玉悠一 (国立遺伝学研究所 / 特任研究員)森宙史 (国立遺伝学研究所 / 准教授)谷澤靖洋 (国立遺伝学研究所 / 助教)東光一 (国立遺伝学研究所 / 助教)野田尚宏 (産業技術総合研究所 / 研究グループ長)鈴木治夫 (慶應義塾大学 / 准教授)新谷政己 (静岡大学 / 准教授)大坪嘉行 (東北大学 / 准教授)松井求 (東大・新領域 / 特任助教)櫻井玄 (農研機構 / 上級研究員)
事務職員	<ul style="list-style-type: none">三浦文 (学術員)寺田朋子 (学術専門職員)

目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- 受講上の注意(受講生募集要項page 4)
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- アグリバイオの教科書
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部の交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

講義科目の概要1

- ①教育プログラムをクリックした状態。
- ②開講科目は大きく3つのカテゴリ(基礎、方法論、先端トピックス)に分けられます。
- ③各講義のページをクリックすると…

教育プログラム | アグリバイオインフォマ × +

iu.a.u-tokyo.ac.jp/main_education.html#1

ゲスト (2)

- + ホーム
- + 本ユニットについて
- + メンバー
- + 教育プログラム ①
- + 教科書
- + イベント
- + お問い合わせ
- + リンク

東京大学
THE UNIVERSITY OF TOKYO

東...
· Jan 6

3月にJBIC会員企業限定ではありますが、講習会を実施します。受講料は無料。是非ご参加ください。

ホーム > 教育プログラム

教育プログラム

- ▼ プログラム概要
- ▼ 講義について
- ▼ 受講について
- ▼ 各講義のページ
- ▼ スケジュール

プログラム概要

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(基礎、方法論、先端トピックス)に分けられます。② カテゴリと各講義の関係については、各講義のページをご覧ください。

③ カテゴリ	目的
基礎	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	「基礎」の科目を土台として、様々なビッグデータの生成手法や観測装置、そしてそれらを解析するための計算的手法(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)について解説します。
先端トピックス	IoTの活用、大量かつ多様な実験・観測データの解析、研究の効率化と発展の手段として重要性が増しているプログラミングについて学ぶことができます。また、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。

講義科目の概要2

- ①教育プログラムをクリックした状態。
- ②開講科目は大きく3つのカテゴリ(基礎、方法論、先端トピックス)に分けられます。
- ③各講義のページをクリックすると、各カテゴリに属する講義科目が見られます。



目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- 受講上の注意(受講生募集要項page 4)
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- アグリバイオの教科書
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部の交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

2023(令和5)年度は、①赤枠の科目を除く、計14科目を開講します。

開講科目1



開講科目2

2023(令和5)年度は、①赤枠の科目を除く、計14科目を開講します。このうち、②基礎の4科目は農学部の農学展開科目となっています。東京大学農学部の学生(学部生)は、これらのみ受講可能です。



連携科目

- 農学生命科学研究科「生物測定学特論」
- 農学生命科学研究科「情報生命工学」
- 学際情報学府「総合分析情報学特論XVII」
- 学際情報学府「総合分析情報学特論XVIII」
- 学際情報学府「総合分析情報学特論13A」

東京大学の大学院生は、これらの科目に合格すると、アグリバイオの**連携科目**として本プログラムの修了に必要な単位に加えることができます。

8科目以上取得で修了証

■ アグリバイオ開講科目

- 「基礎」の4科目
- 「方法論」の6科目
- 「先端トピックス」の4科目

■ 連携科目

- 農学生命科学研究科「生物測定学特論」
- 農学生命科学研究科「情報生命工学」
- 学際情報学府「総合分析情報学特論XVII」
- 学際情報学府「総合分析情報学特論XVIII」
- 学際情報学府「総合分析情報学特論13A」

8単位以上取得された方には、本プログラムを修了したことを認定し、「修了証」を授与します。連携科目を有効利用すれば、修了認定を受けやすくなります。複数年度にまたがって取得した単位を通算できません。修了証授与式は例年2～3月に行っており、対象者には事務局から連絡します。



第 号

修了証

年 月 日生

本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
プログラムにおいて所定の単位を修得し
本プログラムの課程を修了したことを
認める

令和5年3月15日

東京大学大学院農学生命科学研究科長

堤伸浩

目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- **受講上の注意(受講生募集要項page 4)**
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- アグリバイオの教科書
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

受講生募集要項には、ここに記載されていない情報もあります。特に、本学学生以外の受講希望者はよく読んでおいてください。

受講上の注意

■ 東京大学の学生の方向け

- 今年度も全科目オンライン受講可能です。
- 「農学生命情報科学特論IV」のみ、対面とオンラインのハイブリッド方式で実施予定です。
- 講義資料・予習事項・出席確認などは、主にITC-LMSで行います。

■ 東京大学の学生以外の方向け

- 受講申込受付期間中(5/9～6/20)に応募してください。期間外の応募は受け付けません。応募URLはアグリバイオのWebサイトに掲載します。
- 選考の結果、合格した方のみ受講が可能です。合格者には6/30(金)までにメールで通知します。
- 選考に合格した受講生は、専用Slackに登録することで、7/4(火)から順次オンデマンド配信される講義を視聴することができます。
- オンデマンド配信の詳細はSlackでお知らせします。諸事情により、オンデマンド配信が中止されることがあります。

目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- 受講上の注意(受講生募集要項page 4)
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- アグリバイオの教科書
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

基礎4科目の概要。アグリバイオの通常の講義時間(17:15~20:30)で実施します。4/6(木)からスタートです。

講義科目詳細: 基礎

- 生物配列解析基礎(4/19~)
 - 生命科学のためのデータベースの利用
 - 基本的な解析手法(ホモロジー検索、モチーフ解析、Pythonプログラミング、系統解析など)
- ゲノム情報解析基礎(4/11~)
 - ゲノム解析全般のイントロダクション、生命科学における公共データベース全般
 - メタゲノム解析の基礎と応用
- バイオスタティスティクス基礎論(4/7~)
 - Rを用いた生物統計学の基礎、データの視覚化
 - 回帰分析、分散分析、主成分分析、多次元尺度構成法など
- 構造バイオインフォマティクス基礎(4/6~)
 - タンパク質立体構造データベースの利用と応用
 - X線結晶構造解析における情報処理

先端トピックス セミナー 討論形式 研究指導	農学生命情報 科学特論 I (プログラミング)	農学生命情報 科学特論 II	農学生命情報 科学特論 III (プログラミング)	農学生命情報 科学特論 IV
方法論 講義・実習を 一体化	システム生物学概論 知識情報学概論 オーム情報解析 機能ゲノム学 分子モデリングと分子シミュレーション フィールドインフォマティクス			
基礎 講義・実習を 一体化	ゲノム情報解析基礎 構造バイオインフォマティクス基礎 生物配列解析基礎 バイオスタティスティクス基礎論			

目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- 受講上の注意(受講生募集要項page 4)
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- アグリバイオの教科書
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

方法論6科目中、最初の3科目の概要。
これらは、アグリバイオの通常の講義時間(17:15~20:30)で実施予定です。

講義科目詳細: 方法論1

- 分子モデリングと分子シミュレーション(5/11~)
 - 分子軌道法、分子力学法、分子動力学法
 - モンテカルロ法、複合体モデリングを予定。
- 機能ゲノム学(5/23~)
 - ゲノム解析(バクテリアゲノム解析とその周辺、Hi-Cデータを中心とした染色体構造解析)。
 - トランスクリプトーム解析(単一細胞解析)を予定。
- フィールドインフォマティクス(6/7~)
 - 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・イオノーム情報などを使った様々な研究手法を解説する予定。



方法論6科目中、残りの3科目の概要。これらは、アグリバイオの通常の講義時間(17:15~20:30)とは異なります。

講義科目詳細: 方法論2

■ システム生物学概論(7/7~)

- システム生物学分野の根底にある考え方や近年の研究動向を紹介予定。
- 通常のアグリバイオ講義時間(17:15-20:30)と異なり、13:00~17:00の計3回を予定。

■ 知識情報処理論(9/8~)

- ニューラルネットワーク、深層学習、SVM、決定木、隠れマルコフモデルなど、パターン認識と機械学習の手法を紹介予定。
- 通常のアグリバイオ講義開始時間(17:15-)だが、1回1コマの17:15~19:00の計7回を予定。

■ オーム情報解析(10/4~)

- アルゴリズムや数式に対する苦手意識の払しょくを目指し、最適化アルゴリズムの1つである粒子群最適化(PSO)を中心に丁寧に解説する予定。
- 通常のアグリバイオ講義時間(17:15-20:30)と異なり、13:00~17:00の計3回を予定。

先端トピックス セミナー・討論形式 研究指導	農学生命情報 科学特論 I (プログラミング)	農学生命情報 科学特論 II	農学生命情報 科学特論 III (プログラミング)	農学生命情報 科学特論 IV
方法論 講義・実習を 一体化	システム生物学概論 知識情報処理論 オーム情報解析 機能ゲノム学 分子モデリングと分子シミュレーション フィールドインフォマティクス			
基礎 講義・実習を 一体化	ゲノム情報解析基礎 構造バイオインフォマティクス基礎 生物配列解析基礎 バイオスタティスティクス基礎			

目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- 受講上の注意(受講生募集要項page 4)
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- アグリバイオの教科書
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部の交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

講義科目詳細：先端トピックス

■ 農学生命情報科学特論I(10/3～)

- 農学や分子生物学などの分野で利用されているプログラミング言語Pythonの最新事例を紹介しながら、Pythonの基礎文法の講義を行う予定。13:15～16:30。

■ 農学生命情報科学特論II(6/9～)

- 植物の生育や、植物と気象の関係、植物生理学的な生命現象を数理モデル化し、シミュレーションする手法に関する講義をRで行う予定。

■ 農学生命情報科学特論III(5/12～)

- 環境センサーのデータを利用して、環境モニタリングに関する簡単なデータ処理プログラムの作成を行う予定(Python)。13:00～17:00の計3回を予定。

■ 農学生命情報科学特論IV(6/5～)

- 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予定。13:15～16:30。



目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- 受講上の注意(受講生募集要項page 4)
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- アグリバイオの教科書
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部の交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

PythonとRと科目間の関係性

■ 農学生命情報科学特論I(10/3～) ①

- 農学や分子生物学などの分野で利用されているプログラミング言語を紹介しながら、Pythonの基礎文法の講義を行う予定

■ 農学生命情報科学特論II(6/9～)

- 植物の生育や、植物と気象の関係、植物生理学的な生命現象を数理モデル化し、シミュレーションする手法に関する講義をRで行う予定。

■ 農学生命情報科学特論III(5/12～) ②

- 環境センサーのデータを利用して、環境モニタリングに関する簡単なデータ処理プログラムの作成を行う予定(Python)。13:00～17:00の計3回を予定。

■ 農学生命情報科学特論IV(6/5～)

- 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予定。13:15～16:30。

さきほどの先端トピックスを再掲。今から覚えていくうえで有意義なプログラミング言語はPythonです。今年度も①と②の2科目でPythonプログラミングに特化した講義を実施します。曜日をずらすことで、ゼミや他の講義との兼ね合いでどちらかを受けられない可能性に配慮しています。もちろんオンデマンド配信もあります。

先端トピックス セミナー・討論形式 研究指導	農学生命情報科学特論 I (プログラミング)	農学生命情報科学特論 II (プログラミング)	農学生命情報科学特論 III (プログラミング)	農学生命情報科学特論 IV
方法論 講義・実習を一体化	システム生物学概論 知識情報理論 オーム情報解析 機能ゲノム学 分子モデリングと分子シミュレーション フィールドインフォマティクス			
基礎 講義・実習を一体化	ゲノム情報解析基礎 構造バイオインフォマティクス基礎 生物配列解析基礎 バイオスタティスティクス基礎			

PythonとRと科目間の関係性



さきほどの先端トピックスを再掲。今から覚えていくうえで有意義なプログラミング言語はPythonです。今年度も①と②の2科目でPythonプログラミングに特化した講義を実施します。曜日をずらすことで、ゼミや他の講義との兼ね合いでどちらかを受けられない可能性に配慮しています。もちろんオンデマンド配信もあります。Pythonは、①特論Iと②特論III以外に、③～⑥の科目でも利用予定です。



PythonとRと科目間の関係性



Rは、アグリバイオ設立当初(平成16年度)から、多くの科目で利用してきたデータ解析環境です。Rをがっつり利用するのは①～④です。興味ある方は、まずは①「バイオスタティスティクス基礎論」を受講しておくことをお勧めします。



PythonとRと科目間の関係性

タンパク質構造系はこちら。①「分子モデリングと分子シミュレーション」は、②「構造バイオインフォマティクス基礎」をベースとしています。



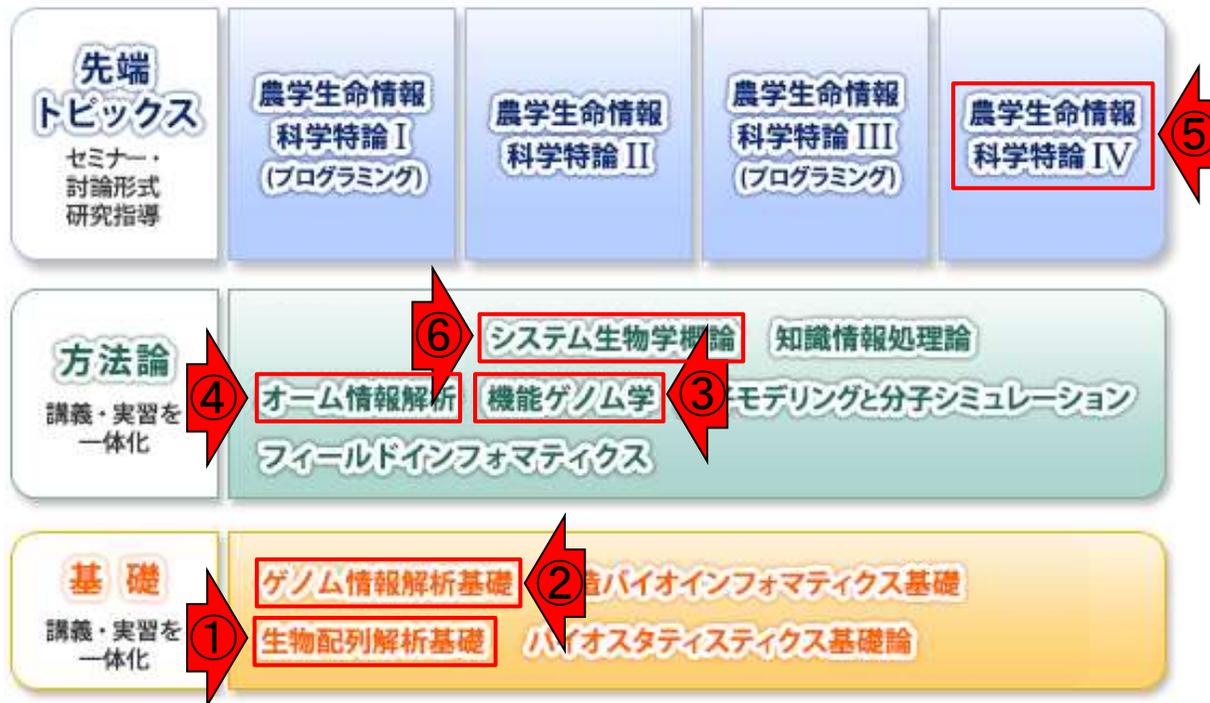
PythonとRと科目間の関係性

農学部といえばコレ！というのがフィールドインフォマティクス系の講義。これら4科目はまとめて受講することをお勧めします。



PythonとRと科目間の関係性

バイオインフォマティクスのステレオタイプなイメージの講義に近いのは、①～⑥といえます。特に①～⑤は、ゲノム解析系の内容が多く含まれます。



目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- 受講上の注意(受講生募集要項page 4)
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- **アグリバイオの教科書**
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

アグリバイオの教科書1

アグリバイオの①教科書が2022年10月に刊行されています。①リンク先の読込には時間(~1分)がかかります。フリーズして読み込めないのではなく、巨大な1つのページであることに起因します。

ホーム | アグリバイオインフォマティクス × +
iu.a.u-tokyo.ac.jp



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ユニット

Agricultural Bioinformatics Research Unit

+ サイトマップ + English

受講生の方へ 研究者の方へ

- + ホーム
- + 本ユニットについて
- + メンバー
- + 教育プログラム
- + 教科書 ①
- + イベント
- + お問い合わせ
- + リンク

ようこそ!!
アグリバイオインフォマティクス
教育研究ユニットへ

バイオインフォマティクスの実践的基礎教育から、関連した農学生命科学の教育と研究指導、本分野の社会連携、国際拠点の形成を目指して

お知らせ - 受講に関する更新情報

- ▶ 2023年度受講生募集要項や講義詳細については3月中旬に公開予定です。(3月2日更新)
NEW!!
- ▶ 東京大学の学生で受講を希望される方は、[こちら](#)をご覧ください。

お知らせ - 講義に関する更新情報

- ▶ アグリバイオの教科書が刊行されました。[web連携テキスト](#)も充実の内容です。



アグリバイオの教科書2

アグリバイオの①教科書が2022年10月に刊行されています。①リンク先の読込には時間(~1分)がかかります。フリーズして読み込めないのではなく、巨大な1つのページであることに起因します。多くの科目で教科書または参考書指定しています。②のような表紙です。

Web連携テキスト バイオインフォマティクス

iu.a.u-tokyo.ac.jp/textbook/index.html

Web連携テキスト バイオインフォマティクス

最終更新: 2022/12/13



はじめに

このページは、2022年10月に培風館より刊行された書籍「Web連携テキスト バイオインフォマティクス」のWeb連携に相当する部分です。本書は、その大部分が東京大学・大学院農学生命科学研究科に設置されているバイオインフォマティクスの教育プログラムである、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講義内容と密接に関連しています。幅広い内容を取り扱うため、このページは用語説明が中心ですが、カラーの図、例題の解答、演習問題とその解答、コラム、プログラムや文献へのリンクなど豊富な情報を提供しています。本書はこのページの対応する箇所を眺めながら読み進めてもらうことを想定していますのでご注意ください。既出の情報をページ内検索などで探す手間を減らすべく、本文中の出現順に既出の図や数式を再掲するなどの工夫を

はじめに

第1章 ゲノム情報解析(基礎編)

第2章 ゲノム情報解析(発展編)

第3章 生物配列解析

第4章 生体分子の構造解析と分子シミュレーション

第5章 システム生物学とマルチオミクス

第6章 生物配列統計学

第7章 フィールドのバイオインフォマティクス

付録

アグリバイオの教科書3

アグリバイオの①教科書が2022年10月に刊行されています。①リンク先の読込には時間(~1分)がかかります。フリーズして読み込めないのではなく、巨大な1つのページであることに起因します。多くの科目で教科書または参考書指定しています。②のような表紙です。③計7章から構成されており、②冊子体と完全に対応しています。



- はじめに
- 第1章 ゲノム情報解析(基礎編)
- 第2章 ゲノム情報解析(発展編)
- 第3章 生物配列解析
- 第4章 生体分子の構造解析と分子シミュレーション
- 第5章 システム生物学とマルチオミクス
- 第6章 生物配列統計学
- 第7章 フィールドのバイオインフォマティクス
- 付録

Web連携テキスト バイオインフォマティクス

最終更新: 2022/12/13



はじめに

このページは、2022年10月に培風館より刊行された書籍「Web連携テキスト バイオインフォマティクス」のWeb連携に相当する部分です。本書は、その大部分が東京大学・大学院農学生命科学研究科に設置されているバイオインフォマティクスの教育プログラムである、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講義内容と密接に関連しています。幅広い内容を取り扱うため、このページは用語説明が中心ですが、カラーの図、例題の解答、演習問題とその解答、コラム、プログラムや文献へのリンクなど豊富な情報を提供しています。本書はこのページの対応する箇所を眺めながら読み進めてもらうことを想定していますのでご注意ください。既出の情報をページ内検索などで探す手間を減らすべく、本文中の出現順に既出の図や数式を再掲するなどの工夫を

アグリバイオの教科書4

③教科書の章のタイトルと、講義科目名は大まかに対応しています。

はじめに

- 第1章 ゲノム情報解析(基礎編)
- 第2章 ゲノム情報解析(発展編)
- 第3章 生物配列解析
- 第4章 生体分子の構造解析と分子シミュレーション
- 第5章 システム生物学とマルチオミクス
- 第6章 生物配列統計学
- 第7章 フィールドのバイオインフォマティクス
- 付録

Web連携テキスト バイオインフォマティクス

最終更新: 2022/12/13

Web連携テキスト
バイオインフォマティクス
基礎から応用
内田 幸二・清水 謙太郎・
原野 洋久・寺田 浩・共編著

はじめに

このページは、2022年10月Web連携に相当する部分でバイオインフォマティクスの内容と密接に関連している例題の解答、演習問題とその書はこのページの対応するの情報をページ内検索など

先端トピックス
セミナー・討論形式
研究指導

農学生命情報科学特論 I (プログラミング)

農学生命情報科学特論 II

農学生命情報科学特論 III (プログラミング)

農学生命情報科学特論 IV

方法論
講義・実習を一体化

システム生物学概論 知識情報処理論
オーム情報解析 機能ゲノム学 分子モデリングと分子シミュレーション
フィールドインフォマティクス

基礎
講義・実習を一体化

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

アグリバイオの教科書5

③教科書の章のタイトルと、講義科目名は大まかに対応しています。基礎系の2科目。

The screenshot shows a web browser window with the URL iu.a.u-tokyo.ac.jp/textbook/index.html. The page title is "Web連携テキスト バイオインフォマティクス". The main content area features a table of contents on the left and a grid of course topics on the right. A red box highlights "第1章 ゲノム情報解析(基礎編)" in the table of contents, and a red arrow points from it to the "ゲノム情報解析基礎" box in the "基礎" category. A blue box highlights "第3章 生物配列解析" in the table of contents, and a blue arrow points from it to the "生物配列解析基礎" box in the "基礎" category.

はじめに

- 第1章 ゲノム情報解析(基礎編)
- 第2章 ゲノム情報解析(発展編)
- 第3章 生物配列解析
- 第4章 生体分子の構造解析と分子シミュレーション
- 第5章 システム生物学とマルチオミックス
- 第6章 生物配列統計学
- 第7章 フィールドのバイオインフォマティクス
- 付録

Web連携テキスト バイオインフォマティクス

最終更新: 2022/12/13

Web連携テキスト
バイオインフォマティクス
基礎から応用
内田 幸二、清水 謙太郎、
原野 洋久、森田 浩、共編著
増訂版

先端トピックス セミナー・ 討論形式 研究指導	農学生命情報 科学特論 I (プログラミング)	農学生命情報 科学特論 II	農学生命情報 科学特論 III (プログラミング)	農学生命情報 科学特論 IV
方法論 講義・実習を 一体化	システム生物学概論 知識情報処理論 オーム情報解析 機能ゲノム学 分子モデリングと分子シミュレーション フィールドインフォマティクス			
基礎 講義・実習を 一体化	ゲノム情報解析基礎	構造バイオインフォマティクス基礎	生物配列解析基礎 バイオスタティスティクス基礎論	

はじめに

このページは、2022年10月Web連携に相当する部分でバイオインフォマティクスの内容と密接に関連しています。例題の解答、演習問題とその書はこのページの対応するの情報をページ内検索など

アグリバイオの教科書6

③教科書の章のタイトルと、講義科目名は大まかに対応しています。基礎系の2科目。第4章の内容は④と⑤の2科目と関連しています。

Web連携テキスト バイオインフォマティクス

iu.a.u-tokyo.ac.jp/textbook/index.html

ゲスト (2)

はじめに

第1章 ゲノム情報解析(基礎編)

第2章 ゲノム情報解析(発展編)

第3章 生物配列解析

第4章 生体分子の構造解析と分子シミュレーション

第5章 システム生物学とマルチオミックス

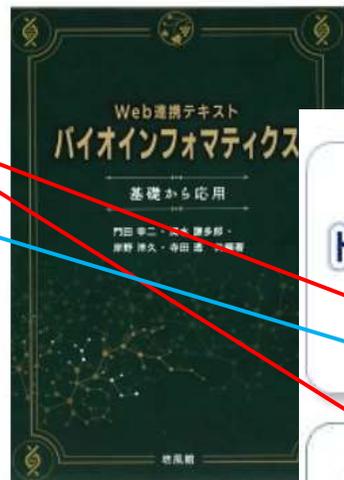
第6章 生物配列統計学

第7章 フィールドのバイオインフォマティクス

付録

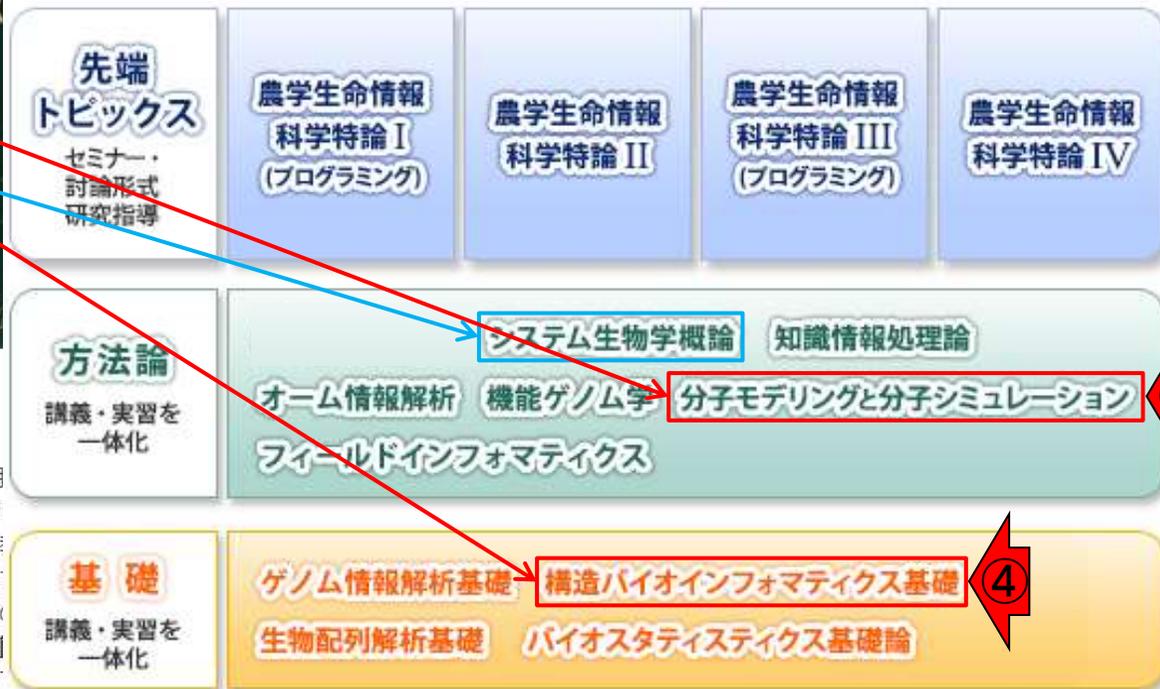
Web連携テキスト バイオインフォマティクス

最終更新: 2022/12/13



はじめに

このページは、2022年10月Web連携に相当する部分でバイオインフォマティクスの内容と密接に関連しています。例題の解答、演習問題とその書はこのページの対応するの情報をページ内検索など



⑤

④

アグリバイオの教科書7

③教科書の章のタイトルと、講義科目名は大まかに対応しています。基礎系の2科目。第4章の内容は④と⑤の2科目と関連しています。第6章は、2020年度まで開講していた科目と対応しています。

Web連携テキスト バイオインフォマティクス
iu.a.u-tokyo.ac.jp/textbook/index.html

Web連携テキスト バイオインフォマティクス

最終更新: 2022/12/13



はじめに

このページは、2022年10月Web連携に相当する部分でバイオインフォマティクスの内容と密接に関連している例題の解答、演習問題とその書はこのページの対応するの情報をページ内検索など

- はじめに
- 第1章 ゲノム情報解析(基礎編)
- 第2章 ゲノム情報解析(発展編)
- 第3章 生物配列解析
- 第4章 生体分子の構造解析と分子シミュレーション
- 第5章 システム生物学とマルチオミクス
- 第6章 生物配列統計学
- 第7章 フィールドのバイオインフォマティクス
- 付録

先端トピックス セミナー・討論形式 研究指導	農学生命情報科学特論 I (プログラミング)	農学生命情報科学特論 II	農学生命情報科学特論 III (プログラミング)	農学生命情報科学特論 IV		
方法論 講義・実習を一体化	生物配列統計学	システム生物学概論	知識情報処理論	オーム情報解析	機能ゲノム学	分子モデリングと分子シミュレーション
基礎 講義・実習を一体化	ゲノム情報解析基礎	構造バイオインフォマティクス基礎	生物配列解析基礎	バイオスタティクス基礎論		

アグリバイオの教科書8

たとえば、①第1章の部分をクリックすると、②その章を構成する節が表示されます。

Web連携テキスト バイオインフォマティクス

iu.a.u-tokyo.ac.jp/textbook/index.html#第1章_ゲノム情報解析(基礎編)

第1章 ゲノム情報解析(基礎編)

- **ゲノム(genome)**
ある生物がもつ全遺伝情報(具体的には全塩基配列情報)のことです。
- **生物(organism)**
生命現象を示す自然物のことです。動物・菌類・植物・原生生物・古細菌・細菌などの総称です。多くの場合ウイルスを含めませんが、立場によっては含めることもあります。
- **遺伝情報(genetic information)**
遺伝現象によって親から子に伝わる情報のことです。DNAの塩基配列情報だけではなくその修飾や、母性 mRNA・蛋白質なども含みます。一般的には、ゲノムDNAに書き込まれた塩基配列の情報と同義的に使われることが多いです。
- **DNA**
デオキシリボ核酸(deoxyribonucleic acid)のことです。デオキシリボース(五炭糖)とリン酸、塩基から構成される核酸です。地球上の多くの生物において、遺伝情報の継承と発現を担う高分子生体物質です。2-デオキシリボースの1'位に塩基が結合したものをデオキシヌクレオシド、このデオキシヌクレオシドの2-デオキシリボースの5'位にリン酸が結合したものをデオキシヌクレオチドといいます。ヌクレオチドは核酸の最小単位(モノマー)であり、DNAはデオキシヌクレオチドのポリマーです。
- **塩基(base)**
リンク先は「核酸塩基」です。ヌクレオシドを形成する窒素含有生体分子で、窒素塩基としても知られています。多くの場合、単に塩基(base)とよばれます。ヌクレオシドはヌクレオチドの構成要素であり、ヌクレオチドは核酸の基本的な構成単位です。塩基対を形成し、互いに積み重なる(スタッキング)核酸塩基の性質は、リボ核酸(RNA)やデオキシリボ核酸(DNA)などの長鎖らせん構造をもたらします。DNAを構成する塩基は、**プリン塩基**であるアデニン(A)とグアニン(G)、**ピリミジン塩基**であるシトシン(C)とチミン(T)の4種類があります。
- **生物種(species)**
リンク先は「種(分類学)」です。生物分類上の基本単位です。「階級(生物学)」にも書かれていますが、「界・門・綱・目・科・属・種」という分類階級の最下層に位置します。
- **塩基配列(nucleotide sequence)**
DNA、RNAなどの核酸において、それを構成しているヌクレオチドの結合順を、ヌクレオチドの一部をなす有機塩基の種類に注目して記述する方法、あるいは記述したもののことです。単にシーケンスあるいはシーケンスとよぶことも多いです。

アグリバイオの教科書10

また、①第2章の、②2.4節と2.6節を、③「オーム情報解析」で実施予定です。これら以外については、教科書の章のタイトルと講義科目がほぼ対応しています。

Web連携テキスト バイオインフォマティクス

iu.a.u-tokyo.ac.jp/textbook/index.html#第2章_ゲノム情報解析(発展編)

ゲスト (2)

第2章 ゲノム情報解析(発展編)

- はじめに
- 第1章 ゲノム情報解析(基礎編)
- 第2章 ゲノム情報解析(発展編)**
 - 2.1 多様性の解析(パンゲノム解析)
 - 2.2 ハプロタイプフェージング
 - 2.3 多様なゲノム情報の可視化、格納、そして利用
 - 2.4 エピゲノム解析
 - 2.5 エンコード計画(ENCODE)
 - 2.6 CGI領域予測
- 第3章 生物配列解析
- 第4章 生体分子の構造解析と分子シミュレーション
- 第5章 システム生物学とマルチオミックス
- 第6章 生物配列統計学



- **生物種(species)**
リンク先は「種(分類学)」です。生物分類上の基本単位です。「階級(生物学)」にも書かれていますが、「界・門・綱・目・科・属・種」という分類階級の最下層に位置します。
- **ゲノム(genome)**
ある生物がもつ全遺伝情報(具体的には全塩基配列情報)のことです。
- **多様性(diversity)**
幅広く性質の異なる群が存在することです。性質に類似性のある群が形成される点が特徴で、単純に「いろいろある」ところとは異なります。
- **遺伝子(gene)**
大まかには「ゲノム」から取り出すのに必要なDNA配列のことです。
- **塩基配列(nucleotide sequence)**
DNA、RNAなどの核糖核酸の塩基配列の種類はシーケンスとよぶことができます。
- **エピジェネティクス(epigenetics)**
ゲノムの塩基配列自体が維持される仕組みのことです。
- **遺伝子発現(gene expression)**
遺伝子の情報が細胞内で実際に使われるかどうかのことです。
- **統計(statistic)**
現象を調査することです。統計の性質は「計算可能」なことです。
- **アルゴリズム(algorithm)**
「計算可能」なことです。

先端トピックス セミナー・討論形式 研究指導	農学生命情報科学特論 I (プログラミング)	農学生命情報科学特論 II	農学生命情報科学特論 III (プログラミング)	農学生命情報科学特論 IV
方法論 講義・実習を一体化	システム生物学概論 知識情報処理論 オーム情報解析 (赤枠) ゲノム学 分子モデリングと分子シミュレーション フィールドインフォマティクス			
基礎 講義・実習を一体化	ゲノム情報解析基礎 構造バイオインフォマティクス基礎 生物配列解析基礎 バイオスタティスティクス基礎論			

2.1 多様性の

目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- 受講上の注意(受講生募集要項page 4)
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- アグリバイオの教科書
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

講義で使用予定の...1

①アグリバイオのトップページ。②ソフトウェアのインストールページをクリック。

ホーム | アグリバイオインフォマティクス × +

iu.a.u-tokyo.ac.jp/index.shtml

ゲスト (3)

アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット

Agricultural Bioinformatics Research Unit

受講生の方へ 研究者の方へ

ようこそ!!
アグリバイオインフォマティクス
教育研究ユニットへ

バイオインフォマティクスの実践的基礎教育から、
関連した農学生命科学の教育と研究指導、
本分野の社会連携、国際拠点の形成を目指して

お知らせ - 受講に関する更新情報

- ▶ 2023年4月4日18:00-のアグリコクーン全体ガイダンス の冒頭部分で、アグリバイオインフォマティクスの簡単な紹介をさせていただきます。(3月24日更新) **NEW!!**
- ▶ 2023年度受講生募集要項は [こちら](#) (PDF)です。(3月23日更新) **NEW!!**
- ▶ 東京大学の学生で受講を希望される方は、[こちら](#)をご覧ください。

お知らせ - 講義に関する更新情報

- ▶ アグリバイオの教科書が刊行されました。[web連携テキスト](#) も充実の内容です。
- ▶ 2023年度もほとんどの科目をZoomを用いて実施します。[ソフトウェアのインストールページ](#)および各科目のページを参照し、各自のPCに講義に必要なソフトウェアを予めインストールしてください。

東京大学 THE UNIVERSITY OF TOKYO

東...
· Jan 6

3月にJBIC会員企業限定ではありますが、講習会を実施しま

講義で使用予定の...2

①アグリバイオのトップページ。②ソフトウェアのインストールページをクリック。こんな感じになります。4月6日から講義がスタートしますので、**早めに必要なソフトウェアをインストールしておいてください。**

受講について (本学の学生の方) | × +

← → ↻ iu.a.u-tokyo.ac.jp/main_guide1.html#software

講義で使用予定のソフトウェア

2023年3月23日現在、以下に示すソフトウェアを使用予定です。このうち、「**Adobe Reader**」と「**RStudio** (R も含む)」は多くの科目で利用するため、無条件でのインストールを強く推奨します。「RとRStudio」のインストール方法については、**Windows版** または **Macintosh版** の手順通りに行ってください。

- ▶ BLASTのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月1日更新)
- ▶ Perlのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月26日更新)
- ▶ Pythonのインストール方法は[こちら](#) (2021年4月6日更新)
- ▶ AutoDockVinaのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月26日更新)
- ▶ CCP4のインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月1日更新)
- ▶ Chimeraのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月1日更新)
- ▶ Modellerのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2021年3月12日更新)
- ▶ NAMDのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月26日更新)

その他インストールに関して、不明な点がありましたら**本プログラム事務局**までお問い合わせください。

フリーソフト:

- ▶ **Zoom** (全ての科目で使用)
- ▶ **Adobe Reader** (多くの科目で使用予定)
- ▶ **Java** (多くの科目で使用予定)
- ▶ **Lhaplus** (いくつかの科目で使用予定)
- ▶ **R** (多くの科目で使用予定)
- ▶ **RStudio** (多くの科目で使用予定)
- ▶ **BLAST** (生物配列解析基礎)
- ▶ **MEGA** (生物配列解析基礎)
- ▶ **Python** (生物配列解析基礎)
- ▶ **UCSF Chimera** (構造バイオインフォマティクス基礎と分子モデリング)

講義で使用予定の...3

③特にRStudio関連については、この手順に従って進めてください。アグリバイオの講義で利用予定のパッケージのインストールや、RStudioのGUI画面の説明まで含めています。ちなみに③は…

受講について (本学の学生の方) | × +

← → ↻ iu.a.u-tokyo.ac.jp/main_guide1.html#software

講義で使用予定のソフトウェア



2023年3月23日現在、以下に示すソフトウェアを使用予定です。このうち、「**Adobe Reader**」と「**RStudio** (R も含む)」は多くの科目で利用するため、無条件でのインストールを強く推奨します。「RとRStudio」のインストール方法については、**Windows版** または **Macintosh版** の手順通りに行ってください。

- ▶ BLASTのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月1日更新)
- ▶ Perlのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月26日更新)
- ▶ Pythonのインストール方法は[こちら](#) (2021年4月6日更新)
- ▶ AutoDockVinaのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月26日更新)
- ▶ CCP4のインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月1日更新)
- ▶ Chimeraのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月1日更新)
- ▶ Modellerのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2021年3月12日更新)
- ▶ NAMDのインストール方法は[こちら \(PDF\)](#) (2022年4月26日更新)

その他インストールに関して、不明な点がありましたら**本プログラム事務局**までお問い合わせください。

フリーソフト:

- ▶ **Zoom** (全ての科目で使用)
- ▶ **Adobe Reader** (多くの科目で使用予定)
- ▶ **Java** (多くの科目で使用予定)
- ▶ **Lhaplus** (いくつかの科目で使用予定)
- ▶ **R** (多くの科目で使用予定)
- ▶ **RStudio** (多くの科目で使用予定)
- ▶ **BLAST** (生物配列解析基礎)
- ▶ **MEGA** (生物配列解析基礎)
- ▶ **Python** (生物配列解析基礎)
- ▶ **UCSF Chimera** (構造バイオインフォマティクス基礎と分子モデリング)

講義で使用予定の...4

③特にRStudio関連については、この手順に従って進めてください。アグリバイオの講義で利用予定のパッケージのインストールや、RStudioのGUI画面の説明まで含めています。ちなみに③は、④さきほどの教科書のページの...

ホーム | アグリバイオインフォマティクス × +
iu.a.u-tokyo.ac.jp/index.shtml



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ユニット
Agricultural Bioinformatics Research Unit

+ サイトマップ + English

[受講生の方へ](#) [研究者の方へ](#)

- + ホーム
- + 本ユニットについて
- + メンバー
- + 教育プログラム
- + **教科書** ④
- + イベント
- + お問い合わせ
- + リンク

ようこそ!!
アグリバイオインフォマティクス
教育研究ユニットへ

バイオインフォマティクスの実践的基礎教育から、関連した農学生命科学の教育と研究指導、本分野の社会連携、国際拠点の形成を目指して

お知らせ - 受講に関する更新情報

- ▶ 2023年4月4日18:00-のアグリコクーン全体ガイダンス の冒頭部分で、アグリバイオインフォマティクスの簡単な紹介をさせていただきます。(3月24日更新) **NEW!!**
- ▶ 2023年度受講生募集要項は [こちら](#) (PDF)です。(3月23日更新) **NEW!!**
- ▶ 東京大学の学生で受講を希望される方は、[こちら](#)をご覧ください。

お知らせ - 講義に関する更新情報

- ▶ アグリバイオの教科書が刊行されました。web連携テキスト、目次と内容です。



https://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/textbook/index.html

講義で使用予定の...5

③特にRStudio関連については、この手順に従って進めてください。アグリバイオの講義で利用予定のパッケージのインストールや、RStudioのGUI画面の説明まで含めています。ちなみに③は、④さきほどの教科書のページの、⑤付録から見られる、⑥R1.010という項目と同じです。

Web連携テキスト バイオインフォマティクス

iu.a.u-tokyo.ac.jp/textbook/#付録

付録

R関連情報

本書と直接関係のない部分もありますが、初心者の方は基本的にはざっとでよいので順番通りにやっていくとよいと思います。



⑥ R1.010 R本体とRStudioとパッケージのインストール

2023年3月31日に内容を大幅に更新しました。以前のものは、Webサイト(Rで)塩基配列解析中の「インストールについて」という項目内で提供しています。

- [Windows版\(2023/03/31更新\)](#)
- [Macintosh版\(2023/03/31更新\)](#)

R1.020 RStudioの基本的な利用法

2023年3月31日に内容を大幅に更新しました。以前のものは、Webサイト(Rで)塩基配列解析中の「基本的な利用法」という項目内で提供しています。

- [Windows版\(2023/03/31更新\)](#)
- Macintosh版は準備中です（当面はWindows版を参考になさってください）

R1.030 1.2.1項の相補鎖や逆相補鎖を取得する(基礎編)

Rに慣れることを目的として、「[1.2.1 サンガー法の原理](#)」の冒頭部分で述べた相補鎖や逆相補鎖をRで得るやり方を解説します。まずは[Biostrings](#)パッケージをロードして、このパッケージが提供する `complement` や `reverseComplement` 関数を使えるようにします。

```
library(Biostrings)
```

- はじめに
- 第1章 ゲノム情報解析(基礎編)
- 第2章 ゲノム情報解析(発展編)
- 第3章 生物配列解析
- 第4章 生体分子の構造解析と分子シミュレーション
- 第5章 システム生物学とマルチオミックス
- 第6章 生物配列統計学
- 第7章 フィールドのバイオインフォマティクス
- 付録 **⑤**
- R関連情報**
- R1.010 R本体とRStudioとパッケージのインストール
- R1.020 RStudioの基本的な利用法
- R1.030 1.2.1項の相補鎖や逆相補鎖を取得する(基礎編)

講義で使用予定の...6

4月7日～の「バイオスタティスティクス基礎論」などRStudioを利用する科目受講予定者は、⑦も予習しておいてください。例年「作業ディレクトリの変更」などで躓くヒトが数多くいます。ソフトウェアのインストールや⑦については、なるべく4月5日中に行ってください。困ったときは、後述する「東京大学農学部の交流の場」slackの「アグリバイオインフォマティクス」チャンネル上で質問してください。

The screenshot shows a web browser window with the URL `iu.a.u-tokyo.ac.jp/textbook/#付録`. The page title is '付録 R関連情報'. On the left, there is a navigation menu with items like 'はじめに', '第1章 ゲノム情報解析(基礎編)', '第2章 ゲノム情報解析(発展編)', '第3章 生物配列解析', '第4章 生体分子の構造解析と分子シミュレーション', '第5章 システム生物学とマルチオミックス', '第6章 生物配列統計学', '第7章 フィールドのバイオインフォマティクス', '付録', 'R関連情報', 'R1.010 R本体とRStudioとパッケージのインストール', 'R1.020 RStudioの基本的な利用法', and 'R1.030 1.2.1項の相補鎖や逆相補鎖を'. The main content area has a heading '付録 R関連情報' and a sub-heading 'R1.010 R本体とRStudioとパッケージのインストール'. Below this, there is a text block: '2023年3月31日に内容を大幅に更新しました。以前のものは、Webサイト(Rで)塩基配列解析中の「インストールについて」という項目内で提供しています。' followed by a list of links: 'Windows版(2023/03/31更新)' and 'Macintosh版(2023/03/31更新)'. Below that is another sub-heading 'R1.020 RStudioの基本的な利用法' with a text block: '2023年3月31日に内容を大幅に更新しました。以前のものは、Webサイト(Rで)塩基配列解析中の「基本的な利用法」という項目内で提供しています。' followed by a list of links: 'Windows版(2023/03/31更新)' and 'Macintosh版は準備中です(当面はWindows版を参考になさってください)'. Below that is another sub-heading 'R1.030 1.2.1項の相補鎖や逆相補鎖を取得する(基礎編)' with a text block: 'Rに慣れることを目的として、「1.2.1 サンガー法の原理」の冒頭部分で述べた相補鎖や逆相補鎖をRで得るやり方を解説します。まずはBiostringsパッケージをロードして、このパッケージが提供する complement や reverseComplement 関数を使えるようにします。' and a code block: `library(Biostrings)`.



⑥ R1.010 R本体とRStudioとパッケージのインストール
2023年3月31日に内容を大幅に更新しました。以前のものは、Webサイト(Rで)塩基配列解析中の「インストールについて」という項目内で提供しています。

- [Windows版\(2023/03/31更新\)](#)
- [Macintosh版\(2023/03/31更新\)](#)

⑦ R1.020 RStudioの基本的な利用法
2023年3月31日に内容を大幅に更新しました。以前のものは、Webサイト(Rで)塩基配列解析中の「基本的な利用法」という項目内で提供しています。

- [Windows版\(2023/03/31更新\)](#)
- Macintosh版は準備中です(当面はWindows版を参考になさってください)

R1.030 1.2.1項の相補鎖や逆相補鎖を取得する(基礎編)
Rに慣れることを目的として、「1.2.1 サンガー法の原理」の冒頭部分で述べた相補鎖や逆相補鎖をRで得るやり方を解説します。まずはBiostringsパッケージをロードして、このパッケージが提供する complement や reverseComplement 関数を使えるようにします。

```
library(Biostrings)
```

目次

- はじめに(受講生募集要項page 1)
- プログラムメンバー(受講生募集要項page 19)
- 講義科目の概要(受講生募集要項page 2)
- 開講科目・連携科目(受講生募集要項page 3)
- 受講上の注意(受講生募集要項page 4)
- 講義科目詳細:基礎(受講生募集要項pages 5-8)
- 講義科目詳細:方法論(受講生募集要項pages 9-14)
- 講義科目詳細:先端トピックス(受講生募集要項pages 15-18)
- PythonとRと科目間の関係性
- アグリバイオの教科書
- 講義で使用予定のソフトウェア
- 「東京大学農学部の交流の場」のSlack
- 事務局連絡先(受講生募集要項page 20)

東京大学農学部の交流の場

「東京大学農学部の交流の場」という農学部全体のSlackがあり、この中にアグリバイオのチャンネルがあります。アグリバイオ講義科目の質問対応は主にこのチャンネルで行います。g.ecc.u-tokyo.ac.jpのアカウントをもつヒト(東大関係者)限定です。受講希望科目開始前までに、①のGoogleフォームから申し込んでおいてください。

このURLは4/4の大学院ガイダンス時にもZoomのチャット欄でお知らせ予定ですが、info@iu.a.u-tokyo.ac.jp宛てに問い合わせさせていただいても構いません。

https://docs.google.com/forms/d/e/1FAIpQLSeqbaQnamZLmZgRpgqqROZhtsbN1_qfWAS7VPDyaUhn8-JJxw/viewform?usp=sf_link



事務局連絡先

■ Webサイト

- <https://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/>

■ 事務局

- メール: info@iu.a.u-tokyo.ac.jp

- Twitter: @Agribio_utokyo

- 農学部2号館地下1階14-2号室