

シラバス参照

講義名	バイオインフォマティクス		
講義開講時期	後期 2nd Half		
基準単位数	1		
代表曜日		代表時限	
コース等	47 基礎生物学コース		
授業を担当する教員	重信秀治、内山郁夫		
成績評価区分 Grading Scale	A, B, C, Dの4段階評価 Four-grade evaluation		
レベル Level	Level 2		
力量 Competence	専門力 Academic expertise		

担当教員

氏名

◎ 重信 秀治

内山 郁夫

授業の概要	DNAやアミノ酸の配列解析を中心としたバイオインフォマティクスの基礎を学ぶ。配列解析を支えるアルゴリズムの理解から、ゲノム解析やトランスクリプトーム解析への応用までをカバーする。2日間の集中講義として実施し、一部コンピュータを用いたハンズオン演習を導入する。
到達目標	以下の4つの目標の達成を目指す。 (1) DNAシーケンスやアミノ酸配列などの生物学的配列情報の解析法の基本原理を理解する。 (2) ゲノムやトランスクリプトームのデータを解析する技術の理論的背景を理解するとともに、基本的な解析スキルを身につける。 (3) 分子進化学をはじめとする手法を用いて、ゲノム情報を進化学の視点で捉えることができるようになる。 (4) ゲノム科学やバイオインフォマティクス研究の現状を知り、ビッグデータ時代の生命研究の展望について議論する。
成績評価方法	講義・演習での活動(出席状況や授業中の積極性を考慮する)50%、レポート課題(1回)50%。
授業計画	2日間の集中講義として開催する。 日時：2025年10月29日～30日 場所：調整中（基礎生物学研究所） 1日目 第1回：Introduction / Biological sequence analysis 1 (pairwise alignment) 第2回：Biological sequence analysis 2 (multiple alignment, motifs) 第3回：Biological sequence analysis 3 (molecular evolution) 第4回：Genome analysis 1 (genome assembly and gene prediction) 2日目 第5回：Genome analysis 2 (gene annotation and ortholog analysis) 第6回：Transcriptome analysis 1 (RNA-seq) 第7回：Transcriptome analysis 2 (clustering, multivariate analysis) 第8回：Biological databases and current topics (big data and AI in biology) 講師：重信秀治（総研大・基礎生物学研究所）、内山郁夫（総研大・基礎生物学研究所）
実施場所	基礎生物学研究所（詳細調整中）
使用言語	英語
教科書・参考図書	特に指定しない。UNIXの基本的なコマンドライン操作に慣れていることが望ましい。
他コース学生が履修する際の注意事項	基礎生物学コース以外の履修希望者は、履修登録期間内に、岡崎統合事務センター国際研究協力課大学院係（r7139@orion.ac.jp）まで連絡すること。
キーワード	バイオインフォマティクス ゲノム トランスクリプトーム 進化
講義に関する問い合わせ先	重信秀治（shige@nibb.ac.jp）