科目ナンバリング	G-LAS11 80014 SJ66						
授業科目名 <英訳>	ゲノム生命科学特論 Advanced Course of Genome Life Science			担当者所属 職名・氏名	生命科学研究科 准教授 山野 隆志 生命科学研究科 教授 上村 匡 iPS細胞研究所 准教授 山本 拓也 生命科学研究科 助教 服部 佑佳子 生命科学研究科 助教 吉竹 良洋 生命科学研究科 助教 井上 佳祐 生命科学研究科 教授 東樹 宏和 生命科学研究科 特定准教授 田中 紀子 生命科学研究科 助教 藤田 博昭 生命科学研究科 助教 粂田 昌宏		
群	大学院横断教育科目群	分野(分類)	自然科学系		使用言語	日本語	
旧群		単位数	1単位	時間数	15時間	授業形態	演習（対面授業科目）
開講年度・開講期	2024・ 前期集中	曜時限	集中 集中	配当学年	大学院生	対象学生	理系向

（生命科学研究科の学生は，全学共通科目として履修登録できません。所属部局で履修登録してください。）

[授業の概要・目的]

次世代シーケンサー（NGS）の台頭により、生命科学研究においてもこれまでとは桁違いのビッグデータをベースに研究をすることが必須になってきている。これからの生命科学研究者はその膨大な情報を自ら読み、理解し、解析する力が問われている。

本講義では、これまでのシーケンス技術の発展を歴史的に俯瞰し上で、実際にNGSを用いた最前線の研究例を紹介する。さらに演習では、NGSが出力するデータに実際に触れ、化学研究所のスパコンを用いてUNIXや解析ソフトウェアによる解析を行い、数字・文字の羅列であるビッグデータから、生物学的な意味を抽出する。ビッグデータを扱ったことのない初学者でも、2日間の講義・演習でNGS解析ができるレベルにまで引き上げることが目標である。

[到達目標]

[1] 次世代シーケンサーの原理・特徴について説明でき、様々な解析手法と応用研究について理解できること。
[2] 基本的なUNIXコマンドについて理解し、ターミナル上で自由に操作することができること。
[3] 次世代シーケンサーが出力するファイル形式を理解し、その解析に必要なソフトウェアについて理解・操作することができること。
[4] 次世代シーケンサーが出力する数字・文字の羅列であるビッグデータから、生物学的な意味を抽出できること。
[5] スパコンの仕組みを理解し、実際に接続し、計算を行うことができること。

[授業計画と内容]

授業計画と内容については初日の講義で改めて説明する。

9月上旬（1日目）　講義・演習
2限目　（講義1）山本拓也（iPS細胞研究所）：次世代シーケンサー(NGS)を用いたiPS・ES細胞研究について
3限目　（演習1）UNIXの基本的なコマンド操作・ターミナル操作方法の習得
4限目　（演習2）UNIXによるテキスト処理
5限目　（演習3）NGSに関連する配列データフォーマットの解説

ゲノム生命科学特論(2)へ続く↓↓↓

ゲノム生命科学特論(2)

9月上旬（2日目）　講義・演習
2限目　（演習4） RNA-seq解析（１）：ショートリードのゲノム配列へのマッピング
3限目　（演習5） RNA-seq解析（２）：発現変動遺伝子の抽出
4限目　（演習6） RNA-seq解析（３）：Rを用いたデータ解析・生物学的意味の抽出
5限目　（演習7） RNA-seq解析（４）：Rを用いたデータ解析・生物学的意味の抽出

[履修要件]

本演習では、受講生のPCを用いて、京都大学化学研究所のスパコンにリモート接続し、シェルを用いて計算を行う。PCのOSはWindows/Macの種類を問わないが、HDDの空き容量に余裕があること、メモリは8GB以上あることが望ましい。UNIXやスパコンの使用経験は問わない。低スペックのPCしか持っていない受講者に対しては、生命科学研究科のMacbookを貸与できる。ただしその台数（35台）に限りがあるため、希望者が一定数を上回った場合は、生命科学研究科の履修希望者へ優先して貸与する。貸与希望の調査についてはおってその旨をPandA等を通じて連絡する。

対面形式での演習を予定しているが、履修希望者数が一定数を上回った場合は、オンライン形式での受講措置等を講じることがある。またこれに関わらず、社会的状況を考慮して全面的にオンライン形式で開講する可能性もある。詳細については追って通知するので注意すること。

[成績評価の方法・観点]

2日間の講義と演習に全て出席した上で、課題を提出することを成績評価の前提とする。詳細については開講時に説明する。

[教科書]

教科書は使用しない。演習用のプリントを講義初日に配布する。

[参考書等]

（参考書）
清水　厚志 『次世代シーケンサーDRY解析教本』（共立出版(2013)）ISBN:9784059150398（この教材に関しては希望者に10冊まで貸し出すことができる。ただし現在下記の第２版が出版されており、そちらを推奨する。）
清水　厚志 『次世代シークエンサーDRY解析教本　改訂第2版』（学研メディカル秀潤社(2019)）ISBN:978-4-7809-0983-8 （https://gakken-mesh.jp/book/detail/9784780909838.html）
林 晴比古 『新Linux/UNIX入門 第3版』（ソフトバンククリエイティブ(2012)）ISBN:978-4-7973-6984-7
坊農　秀雅 『RNA-Seqデータ解析　WETラボのための鉄板レシピ』（羊土社(2019)）ISBN:978-4-7581-2243-6 （https://www.yodosha.co.jp/yodobook/book/9784758122436/ ）

[授業外学修（予習・復習）等]

あらかじめ下記のサイトの「UNIX基本コマンド」「R入門」を読んでおくことが望ましいが、必須ではない。 https://github.com/nibb-unix/gitc2017a-unixr/wiki

[その他（オフィスアワー等）]

連絡担当教員：山野隆志　メールアドレス： tyamano@lif.kyoto-u.ac.jp

※オフィスアワーの詳細については、KULASISで確認してください。

この科目は前期集中科目ですが、採点登録・成績開示は後期科目と同時期に行います。