

Course number		G-LAS11 80014 SJ66					
Course title (and course title in English)	ゲノム生命科学特論 Advanced Course of Genome Life Science				Instructor's name, job title, and department of affiliation	Graduate School of Biostudies Associate Professor,YAMANO TAKASHI Center for iPS Cell Research and Application Associate Professor,YAMAMOTO TAKUYA Hakubi Center for Advanced Research Program-Specific Associate Professor,HATTORI YUKAKO	
						Graduate School of Biostudies Assistant Professor,YOSHITAKE YOSHIHIRO Graduate School of Biostudies Assistant Professor,INOUE KEISUKE Graduate School of Biostudies Professor,TOUJU HIROKAZU Graduate School of Biostudies Assistant Professor,FUJITA Hiroaki Graduate School of Biostudies Assistant Professor,KUMETA MASAHIRO	
Group	Interdisciplinary Graduate Courses			Field(Classification)	Natural Sciences		
Language of instruction	Japanese			Old group		Number of credits	1
Hours	15	Class style	Seminar (Face-to-face course)		Year/semesters	2025・Intensive, First semester	
Days and periods	Intensive 9/11-9/12		Target year	Graduate students	Eligible students	For science students	
(Students of Graduate School of Biostudies cannot take this course as liberal arts and general education course. Please register the course with your department.)							
[Overview and purpose of the course]							
<p>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。</p> <p>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。</p>							
[Course objectives]							
<p>[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。</p> <p>[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。</p> <p>[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。</p> <p>[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。</p> <p>[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。</p>							
<div style="text-align: right;">Continue to ゲノム生命科学特論(2)</div>							

ゲノム生命科学特論(2)

[Course schedule and contents]

9月11日(木)と9月12日(金)の2日間で実施する。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11日(木)(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

9月12日(金)(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

[Course requirements]

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。

[Evaluation methods and policy]

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。

[Textbooks]

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。

[References, etc.]

(References, etc.)

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 『次世代シーケンサー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/>)

Continue to ゲノム生命科学特論(3)

ゲノム生命科学特論(3)

[Study outside of class (preparation and review)]

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>

[Other information (office hours, etc.)]

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。