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 教授 東樹 宏和 iPS細胞研究所 教授 山本 拓也 白眉センター 特定准教授 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 助教 藤田 博昭 生命科学研究科 特定講師 西川 星也 生命科学研究科 特定講師 炭竈 享司

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	2026・ 前期集中	曜時限	集中 9月10日、9月11日の 2～5限	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。

本科目では、情報科学と生命科学という２つの分野を融合していく上で必須となる知識と技術を提供する。生成AIの登場で誰もが情報科学的なツールに触れることができるようになったが、大規模データ（ビッグデータ）から真に重要な情報を取り出すためには、原理を知り、基礎技術を固めることが欠かせない。

まず、講義パートにおいて、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。続く演習では、NGSが出力するデータに実際に触れ、UNIXやR、Python等を用いた解析を行い、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。化学研究所のスパコンに各自の端末を接続する形式で行うため、大規模な計算を行う際のノウハウについても学ぶことができる。

生物学・生命科学におけるビッグデータの扱い方を基礎から体験しながら学べる機会であり、本科目を受講しておくことで、自分自身の研究でデータ分析が必要になった際に大きなアドバンテージを得ることができるであろう。

多様な研究科や研究所に所属する同年代の大学院生とネットワークを形成する絶好の機会でもある。2日間の濃密な時間を共に過ごす中で、充実した大学院生活を送る足場を築くきっかけにしていただければ幸いである。

実習パートについては、日本語版のほかに、英語版の実習テキストも用意する予定である。英語話者については、英語での対面指導を行うことが可能である。

With the advent of next-generation sequencing (NGS), life science research increasingly relies on the analysis

ゲノム生命科学特論(2)へ続く↓↓↓

of large-scale biological data. Future researchers are therefore required to independently read, understand, and analyze such data.

This course provides essential knowledge and practical skills for integrating information science and life science. Through lectures and hands-on exercises, students will learn the fundamentals of NGS technologies and data analysis using UNIX, R, and Python, and will gain experience in extracting biological meaning from big data. Even beginners with no prior experience in big data analysis are expected to acquire basic NGS analysis skills within the two-day intensive course.

The course is conducted using supercomputing facilities, allowing students to also learn practical approaches to large-scale computation. This course offers a strong foundation for data-driven research in biology and life sciences and provides an opportunity to build a network with graduate students from diverse research fields. English instructional materials and in-person guidance in English are available for the hands-on exercises.

[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。**

---

[1] Be able to explain the principles and characteristics of next-generation sequencing (NGS), and understand a range of analytical methods and their applications in research.
[2] Understand basic UNIX commands and be able to operate freely in a terminal environment.
[3] Understand the file formats generated by NGS platforms, and be able to use and operate the software required for their analysis.
[4] Be able to extract biological meaning from big data consisting of numerical and textual outputs generated by NGS.
[5] Understand the architecture of supercomputing systems, and be able to connect to and perform computations on a supercomputer.

[授業計画と内容]

9月10日(木)と9月11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10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

ゲノム生命科学特論(3)へ続く↓↓↓

ゲノム生命科学特論(3)

9月11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

The course will be held over two days, Thursday, September 10, and Friday, September 11. The detailed course plan and contents will be explained during the lecture on the first day.

Day 1 (September 10): Lectures and Hands-on Sessions

Lecture: NGS-based research on iPS and ES cells

Exercises: Basic UNIX commands and terminal operations; UNIX-based text processing; overview of NGS-related sequence data formats

Day 2 (September 11): Hands-on Sessions

Exercises: RNA-seq analysis, including read mapping, identification of differentially expressed genes, and data analysis using R to extract biological meaning

[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。所持するPCのスペックが上記を満たさない受講者に対しては、生命科学研究科で準備したMacbookを貸与できる（台数に限りあり）。開講までの準備期間に貸与希望の調査についてはその旨をLMS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。詳細については追って通知するので注意すること。

In this course, participants will use their own personal computers to remotely connect to the supercomputing facilities of the Institute for Chemical Research, Kyoto University, and perform computations via a shell interface. The operating system of the PC may be either Windows or macOS. Sufficient free disk space and at least 8 GB of RAM are recommended. No prior experience with UNIX or supercomputers is required.

For students whose personal computers do not meet these requirements, a limited number of MacBooks prepared by the Graduate School of Biostudies can be loaned. Information regarding requests for loaned computers will be announced in advance via LMS or related platforms.

The exercises are planned to be conducted in person; however, if the number of applicants exceeds capacity, alternative arrangements such as online participation may be implemented. Further details will be announced at a later date.

ゲノム生命科学特論(4)へ続く↓↓↓

ゲノム生命科学特論(4)

[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。

Attendance at all lectures and exercises over the two-day course, as well as submission of the assigned coursework, is required for assessment. Further details will be provided at the beginning of the course.

[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。

No textbook will be used. Printed materials for the exercises will be distributed on the first day of the course.

[参考書等]

（参考書）
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『改訂版 RNA-Seqデータ解析　WETラボのための鉄板レシピ』（羊土社(2023)）ISBN:978-4758122672（https://www.yodosha.co.jp/yodobook/book/9784758122672/index.html）

[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

---

It is recommended, but not required, that students familiarize themselves in advance with basic UNIX and R commands.

[その他（オフィスアワー等）]

連絡担当教員：東樹宏和　メールアドレス：celisis_genome@mail2.adm.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。

Contact Instructor: Hirokazu Toju
Email: celisis_genome@mail2.adm.kyoto-u.ac.jp

Please check KULASIS for details on office hours. Although this course is offered as an intensive course in the first semester, grade registration and grade release will be conducted at the same time as second-semester courses.

ゲノム生命科学特論(5)へ続く↓↓↓

ゲノム生命科学特論(5)

[主要授業科目（学部・学科名）]