

科目ナンバリング		G-MED11 2E035 LB87									
授業科目名 <英訳>		ゲノムインフォマティクス Genome Informatics				担当者所属・ 職名・氏名		医学研究科 特定准教授 沖 真弥			
配当 学年	修士	単位数	2	開講年度・ 開講期	2020・ 後期	曜時限	金4	授業 形態	講義・演習	使用 言語	日本語
【授業の概要・目的】											
<p>近年のシーケンス技術の発展により、遺伝子発現やゲノム機能に関する膨大なデータが取得できるようになった。これらはシーケンサによって一次配列を取得したのち、コンピュータを用いたデータ解析によって理解可能な形に加工される。また近年のオープンソース化の流れにより、このようなゲノム解析情報が公共データとして公開されており、誰でも利活用することができる。本講義ではまず公共データやウェブツールを触ってみることにより、ゲノム解析情報を俯瞰する。さらに、R やシェルスクリプトを中心としたプログラミングや解析技術を学ぶことにより、ゲノム解析を体感する。</p>											
【到達目標】											
<ol style="list-style-type: none"> 1. ゲノム解析の公共データを利活用する。 2. ゲノム解析情報のデータ構造を理解する。 3. R やシェルスクリプトを中心としたプログラミング技術を身につける。 4. 実践的なゲノム解析を経験する。 											
【授業計画と内容】											
<p>場所：メディカルイノベーションセンター 1階 セミナー室</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) ウェブツール演習 (1) ゲノム可視化ツール 2) ウェブツール演習 (2) 遺伝子機能解析ツール 3) R プログラミング演習 (1) R の基礎 4) R プログラミング演習 (2) ベクトル、行列 5) R プログラミング演習 (3) ファイル処理、文字列 6) R プログラミング演習 (4) 繰り返し文 7) R プログラミング演習 (5) 条件分岐 8) R プログラミング演習 (6) 関数の利用、作成 9) R プログラミング演習 (7) データの可視化 10) シーケンス解析演習 (1) 遺伝子発現データ 11) シーケンス解析演習 (2) 遺伝子発現データ 12) シーケンス解析演習 (3) ChIP-seq データ 13) シーケンス解析演習 (4) ChIP-seq データ 14) シングルセル解析演習 (1) 15) シングルセル解析演習 (2) 16) 試験 											
【履修要件】											
特になし											
----- ゲノムインフォマティクス(2)へ続く -----											

ゲノムインフォマティクス(2)

[成績評価の方法・観点]

毎回のプログラム作成またはレポート提出と、学期末の試験により総合的に評価する。

[教科書]

使用しない

[参考書等]

(参考書)

清水厚志, 坊農秀雅 『次世代シーケンサーDRY解析教本 改訂第2版』(学研プラス) ISBN:978-4780909838

Garrett Grolemond (著), 大橋 真也 (監修), 長尾 高弘 (翻訳) 『RStudioではじめるRプログラミング入門』(オライリージャパン) ISBN:978-4873117157

金 明哲 『Rによるデータサイエンス データ解析の基礎から最新手法まで』(森北出版) ISBN:978-4627096028

[授業外学修(予習・復習)等]

プログラミングは、各自のパソコン等を用いて自習することも可能である。積極的にプログラミングの自習に取り組むことを期待する。

(その他(オフィスアワー等))

演習に使用するため、各自ノートパソコンを持参してください。

履修希望者が15名を超える場合は、抽選となります。

【連絡先】

創薬医学講座事務室 (contact@ddm.med.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。