ゲノム情報科学研究機構

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター
http://www.bic.kyoto-u.ac.jp/index_J.html

東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター
http://www.hgc.jp/japanese/

2006.6

科学技術振興調整費「ゲノム情報科学研究教育機構」

バイオインフォマティクス講義ビデオライブラリ

Bioinformatics Center
Institute for Chemical Research, Kyoto University

Human Genome Center
Institute of Medical Science, University of Tokyo

e-LEARNING 講義ビデオライブラリ

バイオインフォマティクス講義ビデオライブラリは、科学技術振興調整費によるバイオインフォマティクス人材養成プログラム「ゲノム情報科学研究教育機構」で行ってきた講義の集大成です。

「ゲノム情報科学研究教育機構」では京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンターと東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターが連携し、社会的ニーズの高いバイオインフォマティクス分野の若手人材を育成しています。

このプログラムの中核は、日本バイオインフォマティクス学会が策定した新しいカリキュラムを用いた大学院講義です。京大ー東大間のテレビ会議システムを使い、バイオインフォマティクスの様々な分野で活躍する講師陣が週２回の講義を行っています。その講義をビデオ撮影し、講師の PowerPoint スライドとともにライブラリ化しているのが、このバイオインフォマティクス講義ビデオライブラリです。

多岐にわたる最先端のバイオインフォマティクスの高度な講義を、自分の好きな時に、レベルに合わせて受講できることが、この講義ビデオライブラリの大きな特色です。

科学技術振興調整費「ゲノム情報科学研究教育機構」
http://www.bic.kyoto-u.ac.jp/egis/

京大バイオインフォマティクスセンターと東大ヒトゲノム解析センター以外に所属する方が、バイオインフォマティクス講義ビデオを見るには、聴講生として事務局※1 への登録が必要になります。

登録後、事務局よりアカウントが配布されます。そのアカウント登録が完了した日からバイオインフォマティクス講義ビデオライブラリに自由にアクセスすることができます。

講義ビデオライブラリの対応スペックは下記をご覧下さい。※2

講義ビデオライブラリ／コンテンツの一例

※１
問い合わせ：〒611-0011 京都府宇治市五ヶ庄
京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター内
ゲノム情報科学研究教育機構事務局
Tel：0774-38-3270
聴講申込み：http://www.bic.kyoto-u.ac.jp/egis/announce_J.html の「聴講生の登録」をよくお読みになり、お申し込み下さい。選考後、聴講生登録の可否をご通知いたします。
（聴講生は、氏名と所属が本ホームページで公開されることをご了承下さい。）

※2：対応スペック
講義ビデオは Contents Auto Library (CAL) システムを導入しています。
推奨環境（開発環境）は MacOSX 10.3 以上 + Netscape 7.1 + Quicktime 6.5 以上 (plugin)、または Windows 2000/XP pro + IE 6 + Quicktime 6.5 (plugin) です。
他ブラウザへの対応も開発中です。

CURRICULUM

２００６年度　講義内容

バイオインフォマティクス教育には大きく２つのニーズがあります。１つは新しい情報技術の開発や高度な生物情報解析を行うことのできる人材を養成する専門家教育、もう１つは実験系の生命科学研究者に情報科学の技術とセンスを与える非専門家教育です。本人材養成プログラムでは両者のニーズに対応するため、情報科学の方法論をテーマとした講義、生命科学の問題解決をテーマとした講義、さらに実践的なトレーニングのための実習を提供しています。

バイオスタティスティクス特論

配列データやマイクロアレイによる遺伝子発現データなど大量データからの知識発見に焦点をあて、近年進歩がめざましいバイオスタティスティクスの主要な手法を概説する。分類・判別、情報量基準といった基礎だけでなく、発現パターン分類や QTL 解析といった応用も取り上げる。

バイオアルゴリズム特論

配列解析や立体構造解析といった伝統的なバイオインフォマティクスでのアルゴリズムとともに、今後の発展が期待されるグラフやネットワーク（パスウェイ、化合物、糖鎖、ほか）を対象とした新しいバイオインフォマティクスでのアルゴリズムの基礎理論を説明する。

ゲノム情報解析特論

ゲノムデータに含まれる生物学的意味をいかにして引き出すかの講義を行う。遺伝子領域予測、発現制御シグナル予測、タンパク質機能予測をはじめとした配列解析、タンパク質立体構造解析、進化解析など基礎的な解析法とともに、創薬・医療などゲノム情報の有効利用に関する方法も解説する。

ネットワーク情報解析特論

ゲノム（DNA）だけでなくトランスクリプトーム（RNA）、プロテオーム（タンパク質）、メタボローム（代謝化合物）などの大量データから分子間相互作用ネットワークやパスウェイを推定し、生命システムの高次機能を推定する手法を概説する。

バイオインフォマティクス実習

KEGG データベース及びゲノムネットサービスの利用法を実際にパソコンを操作しながら習得する。遺伝子アノテーションや機能予測などゲノム情報の解析、化合物、糖鎖、薬などのケミカル情報解析、代謝ネットワークやシグナル伝達ネットワークなどパスウェイ情報の解析を取り上げる。

プログラミング実習

バイオインフォマティクス分野でよく利用されている Perl, Ruby, C などのプログラミング言語の概要を学び、簡単なプログラミングができるようになるまでの実習を行う。インターネット上のリソースを活用して、生命科学の大規模データベースを利用する実習も行う。

テクニカルライティング演習

プレゼンテーションスキルに関する概論の後、各自が研究内容等を PowerPoint で発表したり、英文のアブストラクトを作成したりする演習を行う。また、グラント申請やパテント申請のためのテクニカルライティング演習も行う。

２００５年度ビデオライブラリ

● バイオスタティスティクス特論

4/19　バイオスタティスティクス概論：堀本
4/26　分類・判別：吉田
5/17　ブートストラップ：下平
5/24　マルコフモデル：上田
5/31　質的データ解析：堀本
6/7　QTL 解析：中道
7/1　情報量規準：井元
10/18　カーネル法：Vert

● アルゴリズム特論

4/22　アルゴリズム概論：宮野
5/13　文字列索引構造：渋谷
5/20　配列アライメント：後藤
5/27　機械学習：馬見塚
6/3　立体構造比較と予測：阿久津
6/10　グラフアルゴリズム I：山口
6/14　パターン発見：丸山
6/17　グラフアルゴリズム II：渋谷

● ネットワーク解析特論

1/17　遺伝子ネットワーク推定 I：井元
1/24　遺伝子ネットワーク推定 II：油谷
1/31　反応ネットワーク予測：五斗
2/7　代謝制御解析：Schwartz
2/14　モデリングとシミュレーションの技術：宮野
2/21　パスウェイのモデリングとシミュレーション：長崎
2/28　ネットワークモチーフ：林田
3/7　スケールフリーネットワーク：阿久津

● ゲノムデータ解析特論

10/4　ゲノムからの知識発見：中井
10/11　遺伝子発見：矢田
10/25　分子進化学的解析法：隈
11/1　系統樹推定法：隈
11/8　形態進化と分子進化：大安
11/15　進化情報を用いたタンパク質機能解析：藤
11/22　立体構造を用いたタンパク質機能解析：藤
11/29　ゲノム比較とゲノム進化：市原

● システム生物学特論

1/20　マイクロアレイ入門：川島
1/27　発現パターン分類：堀本
2/3　プロテオミクス入門：中井
2/10　ゲノム比較によるネットワーク機能解析：藤
2/17　生化学反応とシミュレーション：荒木
2/24　ケモインフォマティクス：服部
3/3　糖鎖インフォマティクス：木下
3/10　ゲノム情報に基づくシステム再構築：金久

２００４年度ビデオライブラリ

● バイオスタティスティクス特論

9/17　多変量解析概論：堀本
9/24　分類・判別：De Hoon
10/1　質的データ解析：堀本
10/8　情報量規準：井元
10/15　ブートストラップ：下平
10/22　マルコフモデル：上田
10/29　QTL 解析：中谷
11/9　カーネル法：Vert

● アルゴリズム特論

5/7　配列アライメント I：後藤
5/14　配列アライメント II：渋谷
5/21　配列アライメント III：馬見塚
5/28　文字列アルゴリズム：坂内
6/11　立体構造アライメント：阿久津
6/25　計算量理論：上田
7/2　グラフアルゴリズム I：山口
7/9　グラフアルゴリズム II：山口

● ゲノムデータ処理特論

4/27　ゲノム解析技術とデータ処理：平川
5/11　遺伝子発見：矢田
5/18　ゲノム比較と遺伝子予測：後藤
5/25　遺伝子アノテーション：金久
6/8　ゲノムからの知識発見：中井
6/15　オーソログクラスター：片山
6/22　立体構造予測 I：阿久津
6/29　立体構造予測 II：馬見塚

● ゲノム進化学特論

9/14　分子進化学的解析法：隈
9/21　系統樹推定法：隈
9/28　立体構造比較と構造の進化：藤
10/5　進化情報を用いたタンパク質機能解析：藤
10/12　立体構造を用いたタンパク質相互作用解析：藤
10/19　ゲノム比較法概論：堀本
10/26　形態進化と分子進化：大安
11/12　ブロック重複によるゲノム進化：市原

● ネットワーク解析特論

12/3　マイクロアレイ入門：川島
1/14　発現パターン分類：堀本
1/21　遺伝子ネットワーク推定 I：井元
1/28　プロテオミクス入門：中井※
2/4　遺伝子ネットワーク推定 II：油谷
2/18　ゲノム比較によるネットワーク機能解析：藤
2/25　ネットワーク計算の諸問題：渋谷
3/8　スケールフリーネットワーク：阿久津

● システム生物学特論

11/30　生化学反応とシミュレーション：荒木
1/18　代謝化合物の構造比較：服部
1/25　糖鎖の構造比較：Aoki
2/1　反応経路探索：五斗
2/8　代謝制御解析：倉田
2/15　ゲノム情報に基づくシステム再構築：金久
2/22　パスウェイのモデリングとシミュレーション I：宮野
3/1　パスウェイのモデリングとシミュレーション II：宮野

２００３年度ビデオライブラリ

● バイオスタティスティクス特論

10/7　ノンパラメトリック回帰：井元
10/14　教師あり学習：de Hoon
10/21　離散確率モデル：上田
10/28　ブートストラップ：下平

● 配列解析アルゴリズム特論

11/4　文字列照合アルゴリズム：坂内
11/11　配列アライメント (1)：阿久津
11/18　配列アライメント (2)：山口
11/25　配列類似性による遺伝子ネットワークの解析：中谷
12/2　機械学習／データマイニングと配列解析：馬見塚

● ゲノムデータ処理特論

10/3　ゲノム配列解析とデータ：平川※
10/10　遺伝子アノテーション：金久
10/17　ヒトゲノムから未知の遺伝子を発見する：矢田

● ゲノム比較特論

10/24　ゲノム比較法概論：堀本
10/31　ゲノム比較と遺伝子予測：後藤
11/7　ゲノム比較による機能解析：藤

● 分子進化特論

11/14　分子進化学的解析法の基礎：隈
11/21　系統樹推定法と生物系統関係：隈
11/28　進化情報を用いた機能解析：藤

● 発現プロフィール解析特論

1/13　入門：川島
1/20　分類：堀本
1/27　ネットワーク推定 I：井元
2/3　ネットワーク推定 II：油谷

● 計算化学特論

1/16　生化学反応とシミュレーション：荒木
1/23　代謝化合物の構造と比較：服部
1/30　生物学のための情報化学データベース：五斗

● タンパク質ネットワーク解析特論

2/6　２次元電気泳動、質量分析：中井
2/27　相互作用解析技術：藤
3/2　タンパク質間相互作用ネットワーク解析：馬見塚
3/5　タンパク質・低分子相互作用ネットワーク解析：阿久津

● 生命知識システム特論

2/17　生命知識の組織化とオントロジー：平川
2/24　KO と GO のアーキテクチャ：金久

● パスウェイ工学特論

3/12　Petri Net によるモデル化：宮野
3/12　システムバイオロジーの計算戦略：宮野

※　この講義はライブラリ化されておりません。