

科目名		Subject name	
応用生命科学・情報生命学【220009】		Bioinformatics【220009】	
科目区分 (Course type)	単位数 (Credits)	選択・必修 (Elective/Compulsory)	授業形態 (Course format)
基礎 (Fundamental courses)	1	選択必修 (Elective Compulsory)	講義 (Lecture)
開講時期 (Course start)		講義室 (Room)	
6月29日-7月27日		L12会議室 (L12 Meeting Room)	

### 1. 科目の概要 (Course outline)

【担当教員 (Teacher)】	担当教員筆頭者名 (Supervising teacher)
大島 拓(富山県立大学)、加藤 有己 (大阪大学)、小野 直亮、作村 諭一 (Taku Oshima, Yuki Kato, Naoaki Ono, Yuichi Sakumura)	作村 諭一 (Yuichi Sakumura)
【教育目的/授業科目 (Course objectives)】	
情報科学と生命科学の融合領域である情報生命学の基本的な手法を理解することを目的とする。 Bioinformatics is an interdisciplinary research area between infomatin science and bioscience. The aim of this course is to understand basic methodology of bioinformatics.	
【指導方針 (Course methodology)】	
具体的事例を用いてわかりやすい講義をおこなう。 This course will provide intelligible lectures using paticular cases.	

### 2. 授業計画等 (Course plan)

	【テーマ (Topic)】	【内容 (Content)】
1回	全ゲノム解析概説(小野) Whole genome analysis (Ono)	次世代シーケンサーを使った全ゲノム配列解析の方法と応用について解説する。 Introduction about methods and applications of whole genome analysis using next generation sequencers.
2回	代謝シミュレーション概説(小野) Computer simulation of the metabolic dynamics (Ono)	ゲノムスケール代謝モデルなど、細胞内の代謝ダイナミクスモデル化とシミュレーションについて解説する。 Introduction about the modeling and simulation of the metabolic dynamics in various organisms.
3回	配列解析入門 (加藤) Introduction to sequence analysis (Kato)	バイオインフォマティクスについて概観した後、配列解析の基本技術であるアラインメントについて解説する。 We study the overview of bioinformatics, followed by basic alignment techniques.
4回	RNA配列情報解析 (加藤) RNA sequence analysis (Kato)	機能が未知なものが多いRNAの配列解析を対象とし、近年盛んに行われているトランスクリプトームの1次配列情報解析からRNAの2次構造予測法までを解説する。 We focus on RNA sequence analysis ranging from transcriptome sequence analysis to RNA secondary structure prediction.
5回	ゲノム解析の基礎(大島) Basic genome analyses (Oshima)	ゲノム配列決定手法とトランスクリプトーム解析の基本的な概念を解説する。 An introduction of genome sequencing and transcriptome analysis
6回	機能ゲノム解析(大島) Functional genome analyses (Oshima)	ゲノム解析手法を用いた分子メカニズムの解析手法について具体例を解説する。 Examples of functional genome analysis
7回	システムバイオロジー基礎I(作村) Basics of systems biology part I(Sakumura)	生命機能の数理モデルの作り方と解き方の基礎に関する解説 Lecture on fundamental knowledge on how to make and solve mathematical model of biological functions
8回	システムバイオロジー基礎II(作村) Basics of systems biology part II (Sakumura)	生命機能の数理モデル研究の具体例の解説 Lecture on examples of mathematical modeling of biological function
【テキスト (Textbook)】		

**【参考書 (Reference book)】**

阿久津達也「バイオインフォマティクスの数理とアルゴリズム」共立出版藤博幸[編]「はじめてのバイオインフォマティクス」講談社サイエンティフィックDavid W. Mount (岡崎康司、坊農秀雄 監訳)「バイオインフォマティクス-ゲノム配列から機能解析へ-第2版」メディカル・サイエンス・インターナショナルDavid W. Mount. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory. Durbin,R. et al. Biological Sequence Analysis. Cambridge University Press.北野宏明「システムバイオロジー」秀潤社

**3. その他 (Other information)**

**【履修条件 (Eligibility for this course)】**

2/3以上の回の出席を条件とする。

Students are required to attend a minimum of 2/3 of classes.

**【オフィスアワー (Consultation times)】**

**【成績評価の方法と基準 (Grades/Evaluation)】**

レポートおよび講義中に適宜行う小テストにより評価する。

The grade will be decided based on the report for each class and mini-exam in each class.

**【関連科目 (Related courses)】**

**【注意事項 (Important information)】**

日本語で行われます。

This will be taught in Japanese.