

2022 年度  
アグリバイオインフォマティクス  
教育研究プログラム  
受講生募集要項



## 1. はじめに

農学生命科学分野におけるバイオインフォマティクスの重要性は、ますます高まっています。食、環境、生命といった今日の重大な社会問題に対応するため、その具体的な方法論として、また、細分化された専門分野を統合する手段として、バイオインフォマティクスは必要不可欠となっており、基礎、応用の両面からの教育が望まれています。アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラムでは、バイオインフォマティクスに関する実践的教育と、バイオインフォマティクスに関連した農学生命科学の最先端の研究を行っています。昨年度までの18年間にのべ7300人以上の方が本プログラムの講義を受講し、単位を取得しました。本プログラムは、こうした教育研究活動を通じて、アグリバイオインフォマティクスの社会連携・国際拠点の形成を目指しています。

## 2. 受講手続

本プログラムでは、生命科学に関する学部レベルの知識を前提にした大学院レベルの講義を行います。また、多くの科目ではコンピュータを使用した実習を行うため、コンピュータの基本的な操作ができることを前提とし、自然科学を専攻する大学院生、農学・生命科学(医学、薬学を含む)に関する研究開発に携わる社会人を受講生として想定しています。

東京大学の学生は、**UTAS**で受講登録を行ってください。

東京大学の学生以外で受講を希望される方は、アグリバイオのWebサイトにある受講申込フォームからお申込みください。受付期間は5/10(火)~6/20(月)です。選考の結果、**合格した方のみ受講が可能**です。選考合格者には6/30(木)までにメールで通知します。

### 受講ガイダンス

#### 学内者対象：

4/1(金)よりオンデマンド配信形式にて実施予定です。

また、4/4(月)に行われる大学院共通入学ガイダンスの際にも説明する予定です。

#### 学外者対象：

4/1(金)よりオンデマンド配信形式にて実施予定です。

視聴方法：ホームページなどで案内予定です。

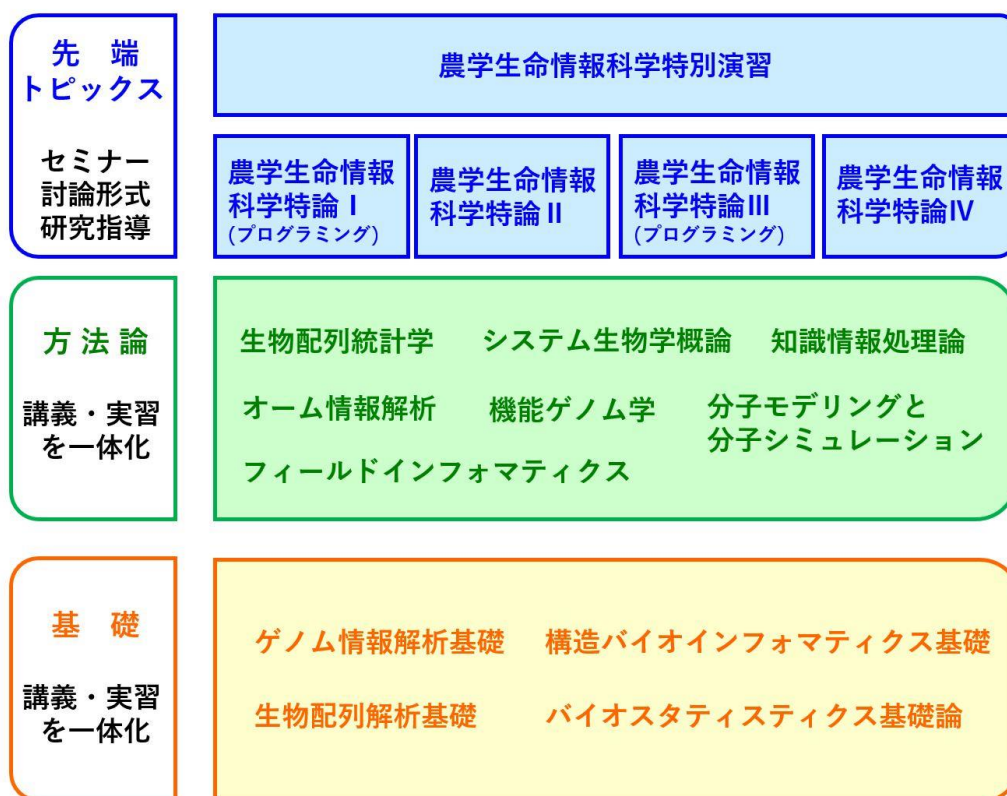
### 3. 講義科目の概要（詳細は5ページ以降をご覧ください）

本プログラムで開講する講義科目は、大きく3つのカテゴリー(基礎、方法論、先端トピックス)に分けられます。8単位以上合格された方へは、本プログラムを修了したことを認定し、「修了証」を授与します。

**「基礎」の科目**(生物配列解析基礎、ゲノム情報解析基礎、バイオスタティスティクス基礎論、構造バイオインフォマティクス基礎)は、主にバイオインフォマティクスを利用した研究経験のない方を対象としています。生命科学のための各種データベースの利用法やバイオインフォマティクスを利用した様々なツールの利用法、統計の基礎を学ぶことができます。

**「方法論」の科目**(知識情報処理論、生物配列統計学、分子モデリングと分子シミュレーション、オーム情報解析、機能ゲノム学、システム生物学概論、フィールドインフォマティクス)では、「基礎」の科目を土台として、様々な実験手法(トランスクリプトーム解析法、質量分析法など)や計算機的手法(パターン認識や機械学習、統計モデルやモデル選択、分子シミュレーション法)について解説します。

**「先端トピックス」の科目**のうち農学生命情報科学特論では、企業や大学の研究者が、それぞれの最先端の研究課題について講義・実習を行います。ここでは、バイオインフォマティクスの実際の活用例に触れることで、個々の研究課題へのフィードバックを目指します。また、農学生命情報科学特別演習では、本プログラム教員による研究指導を受けることができます。



#### 4. 講義科目一覧

科目番号	科目名	ターム*・単位	実施曜日
3912135	生物配列解析基礎	S1・1	水曜日
3912136	ゲノム情報解析基礎	S1・1	火曜日
3912103	バイオスタティスティクス基礎論	S1・1	金曜日
3912139	構造バイオインフォマティクス基礎	S1・1	木曜日
3912137	知識情報処理論	SP・1	金曜日
3912105	生物配列統計学	—	開講しない
3912106	分子モデリングと分子シミュレーション	S1・1	木曜日
3912138	オーム情報解析	—	開講しない
3912108	機能ゲノム学	S1・1	火曜日
3912109	システム生物学概論	S1・1	集中講義
3912157	フィールドインフォマティクス	S1・1	水曜日
3912111	農学生命情報科学特論 I	S1・1	月曜日
3912112	農学生命情報科学特論 II	S1・1	金曜日
3912140	農学生命情報科学特論 III	S1・1	集中講義
3912141	農学生命情報科学特論 IV	S1・1	火・木曜日
3912142	農学生命情報科学特別演習	W・1	不定期

\* UTAS を用いて履修科目登録を行うターム

基礎 4 科目は農学展開科目です。東京大学学部生は履修単位に加えることができます。

060700130	生物配列解析基礎
060700140	ゲノム情報解析基礎
060700150	バイオスタティスティクス基礎論
060700160	構造バイオインフォマティクス基礎

東京大学大学院生は、以下の授業科目を履修し合格すると、連携科目として本プログラムの修了に必要な単位に加えることができます。

3901159	生物測定学特論	S1・2	木曜日 2 限
3908101	情報生命工学	S1・1	月曜日 2 限
48101123	計算生物物理	S1・1	月曜日 2 限
4917490	総合分析情報学特論 XVII	S1・1	月曜日 2 限
4917491	総合分析情報学特論 XVIII	S1・1	木曜日 5・6 限
4917891	総合分析情報学特論 13A	S1・1	集中講義

## 5. 受講上の注意

### 【東京大学の学生の方】

- 昨年度に引き続き、今年度も全ての講義をオンライン(Zoom)で実施します。
- Zoom の URL は UTAS または ITC-LMS でお知らせします。
- 講義は、主に 17:15-18:45、19:00-20:30 に行います。日程や時間に変更があった場合は UTAS または ITC-LMS で速やかにお知らせします。
- utelecon を参考にして、オンライン授業を受けるための準備を必ず行っておいてください。
- UTAS で履修登録をする際に、講義日程が重複していないにもかかわらずエラーが出る場合は、どちらか一方を UTAS で履修登録し、所属する研究科の教務課に追加登録申請書を提出してください。
- 東京大学大学院農学生命科学研究科および東京大学大学院他研究科の多くの専攻で、本プログラムで受講した科目の一部を修士課程修了に必要な単位に加えることができます。詳細は今年度の研究科便覧をご覧ください。
- 「農学生命情報科学特別演習」の受講を希望される方は、まず本プログラム事務局までご連絡ください。

### 【東京大学の学生以外の方】

- 東京大学の学生以外の方は、受講申込受付期間中に応募してください。期間外に応募は受け付けません。応募 URL はアグリバイオの Web サイトに掲載します。
- 選考合格者には 6/30(木)までにメールでお知らせします。通知を受け取った方のみ受講が可能です。
- 選考に合格した受講生は、専用 Slack に登録することで、7/5(火)から順次オンデマンド配信される講義を視聴することができます。東京大学の学生と同じ講義日・時間帯に講義を受けることはできません。オンデマンド配信期間については、講義科目詳細をご覧ください。
- 講義を受講する前に、アグリバイオの Web サイトにあるソフトウェアのインストールページおよび各科目のページを参照し、各自の PC に講義に必要なソフトウェアを予めインストールしてください。
- オンデマンド配信の詳細は Slack でお知らせします。オンデマンド配信期間中は何度でも視聴可能で、講義担当教員への質問も可能です。
- 本プログラムの受講により取得した単位を、他大学の修士課程修了に必要な単位や、学位授与機構の学位申請に用いることはできません。
- 受講をお申込み頂いた場合でも、オンデマンド配信が中止されることがあります。

## 6. 講義科目詳細

科目名	生物配列解析基礎 (科目番号:3912135, 学部は 060700130) Introduction to Biological Sequence Analysis
担当教員	清水謙多郎、大島研郎
東大生講義日	4/6(水), 4/13(水), 4/20(水), 4/27(水)
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 7/5~10/31, 課題提出 8/29 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u> 生命科学のためのデータベースの利用と基本的な解析手法について講義します。配列データベースや機能データベースの使用法を紹介するとともに、ホモロジー検索、モチーフ解析、プログラミング、系統解析などの基本的な手法について、実習形式で解説します。</p> <p><u>授業計画</u> 以下を予定しています：</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) 「配列データベースとホモロジー検索」とその実習</li> <li>2) 「ゲノムデータベースとプログラミング」とその実習</li> <li>3) 「配列から機能を予測するさまざまな手法」とその実習</li> <li>4) 「分子進化と系統樹作成」とその実習</li> </ol> <p><u>授業の方法</u> 講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 実習に対する取り組み姿勢およびレポートの内容に基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書など</u> 特に指定しませんが、以下の書籍が参考になります： 藤博幸 編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018 坊農秀雄、生命科学データ解析第 2 版、MEDSI、2021</p> <p><u>履修上の注意</u> 実習には Windows または macOS の PC が必要です。</p> <p><u>その他</u> 塩基配列、アミノ酸配列の解析手法や各種データベースについて基礎から学びたい人は、ぜひ本講義を受講して下さい。</p>	

科目名	ゲノム情報解析基礎 (科目番号:3912136, 学部は 060700140)
	Introduction to Genome Informatics
担当教員	門田幸二、児玉悠一、森宙史
東大生講義日	4/5(火), 4/12(火), 4/19(火), 4/26(火)
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 7/5~10/31, 課題提出 8/29 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>塩基配列決定とその周辺技術の進歩に伴い、インフォマティクス側も実験機器の特性を的確に把握したうえでデータを取り扱うスキルが要求される時代になっています。本科目では、ゲノム情報解析分野の全般的な動向、公共塩基配列データベース全般、そしてメタゲノム解析に関する実習を含む講義を行います。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>以下を予定しています：</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) ゲノム情報解析系全般のイントロダクション(4/5:門田)</li> <li>2) 生命科学における公共データベース全般(4/12:児玉)</li> <li>3) メタゲノム解析の基礎と応用(4/19, 4/26:森)</li> </ol> <p><u>授業の方法</u></p> <p>講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u></p> <p>実習に対する取り組み姿勢およびレポートなどに基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書など</u></p> <p>坊農秀雄、生命科学データ解析 第2版、MEDSI、2021  長田直樹、進化で読み解くバイオインフォマティクス入門、森北出版、2019  藤博幸 編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018</p> <p><u>履修上の注意</u></p> <p>RStudio を利用予定ですので、インストールしておいて下さい。詳細は、ITC-LMS(東大生)および Slack(主に外部生)にてお知らせします。</p>	

科目名	バイオスタティスティクス基礎論 (科目番号:3912103, 学部は060700150)
	Introduction to Biostatistics
担当教員	岩田洋佳
東大生講義日	4/8(金), 4/15(金), 4/22(金), 5/6(金)
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 7/5～10/31, 課題提出 8/29 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u> 統計解析ソフトウェア R を用いてバイオスタティスティクス基礎(生物統計学基礎)を学びます。初めて R を使用する受講生を対象に考え、ノートパソコンを使用した実習中心の講義を行います。</p> <p><u>授業計画</u> 以下を予定しています： 1) R でデータを視覚化する 2) 回帰分析、分散分析 3) 主成分分析、多次元尺度構成法 4) 階層的クラスタ解析、非階層的クラスタ解析</p> <p><u>授業の方法</u> 講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 実習に対する取り組み姿勢およびレポートに基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書など</u> 講義中に、さらに深く学習するための参考書を紹介します。</p> <p><u>履修上の注意</u> 実習には Windows または macOS の PC が必要です。</p> <p><u>その他</u> RStudio を利用予定ですので、インストールしておいて下さい。詳細は、ITC-LMS(東大生)および Slack(主に外部生)にてお知らせします。</p>	



科目名	構造バイオインフォマティクス基礎 (科目番号:3912139, 学部は060700160)
	Introduction to Structural Bioinformatics
担当教員	寺田透、永田宏次、清水謙多郎
東大生講義日	4/7(木), 4/14(木), 4/21(木), 4/28(木)
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 7/5~10/31, 課題提出 8/29 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u> タンパク質立体構造データベースの利用とその応用について解説します。 また、立体構造決定における情報処理手法について解説します。</p> <p><u>授業計画</u> 以下を予定しています：</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) 立体構造データベースの利用と立体構造データの可視化</li> <li>2) X線結晶構造解析による立体構造決定のインフォマティクス</li> <li>3) 立体構造からの情報抽出</li> <li>4) 立体構造のモデリング</li> </ol> <p><u>授業の方法</u> 講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 実習に対する取り組み姿勢および実習のレポートの内容などに基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書など</u> 特に指定しません。</p> <p><u>履修上の注意</u> 実習には Windows または macOS の PC が必要です。</p>	

科目名	知識情報処理論 (科目番号:3912137)
	Knowledge Information Processing
担当教員	麻生川稔
東大生講義日	9/9(金), 9/16(金), 9/30(金), 10/7(金), 10/14(金), 10/21(金),10/28(金) ※講義時間は他の講義と異なり、17:15-18:45 です。
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 11/1~1/23, 課題提出 12/26 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u> (授業計画に例示した)パターン認識と機械学習の手法の紹介を行います。最終的にこれらの手法の基本的な概念を会得していただき、「各自が直面するであろう研究的な課題」に適用し、計算機を用いて実験データから発見ができる(もしくはその手が見つけられる)ことを目標とします。そのために、各手法について、実習を交えながら講義します。</p> <p><u>授業計画</u> バイオインフォマティクス研究の為に必要な統計的解析手法と機械学習手法について基本的なメカニズムを理解し、各自の研究データにこれらの手法が適用できるように、(1)ニューラルネットワークの基礎、学習アルゴリズム (2)判別分析、ニューラルネットワークの応用例 (3)学習済みニューラルネットワークの解析法、ディープラーニング、相関解析 (4)クラスタ分析、主成分分析 (5)カーネル関数を用いた学習(SVM) (6)決定木 (7)隠れマルコフモデルなどを講義する予定です。講義中の実習はすべて R を用いて行います。</p> <p><u>授業の方法</u> 講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 昨年度は、「4回のレポートで判断」としました。この基準は、学生の習熟度などに応じて適宜変更します。</p> <p><u>履修上の注意</u> PC と R の基本的な操作ができること。</p> <p><u>その他</u> ・ R を利用予定です。インストールしておいて下さい。必要なパッケージは、ITC-LMS(内部生)およびウェブサイト(主に外部生)にてお知らせします。 ・ R(もしくは、RStudio)の基本的な利用法を習得済みであることを前提として行いますので、<a href="http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#users_guide">http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#users_guide</a>の「基本的な利用法」などを参考にして基礎的な事柄を理解しておいてください。</p>	

科目名	分子モデリングと分子シミュレーション (科目番号:3912106)
	Molecular Modeling and Simulation
担当教員	寺田透
東大生講義日	5/12(木), 5/19(木), 5/26(木), 6/9(木)
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 8/2~12/26, 課題提出 10/31 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u> 分子軌道法、分子力学法、分子動力学法、モンテカルロ法、およびこれらの応用である複合体モデリングについて解説し、実習を行います。</p> <p><u>授業計画</u> 以下を予定しています：</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) 分子軌道法</li> <li>2) 分子力学法</li> <li>3) 分子動力学法</li> <li>4) モンテカルロ法</li> <li>5) 複合体モデリング</li> </ol> <p><u>授業の方法</u> 講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 実習に対する取り組み姿勢および実習のレポートの内容に基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書など</u> 特に指定しませんが、以下の書籍が参考になります。 岡崎 進著、コンピュータシミュレーションの基礎、化学同人、2000</p> <p><u>履修上の注意</u> 実習には Windows または macOS の PC が必要です。</p>	

科目名	機能ゲノム学 (科目番号:3912108)
	Functional Genomics
担当教員	門田幸二、谷澤靖洋、東光一
東大生講義日	5/10(火), 5/17(火), 5/24(火), 5/31(火)
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 8/2~12/26, 課題提出 10/31 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u> ゲノム解析やトランスクリプトーム解析分野で用いられる手法を中心に解説します。バクテリアゲノムの <i>de novo</i> アセンブリやアノテーション、ゲノムサイズ推定など様々な目的で利用される k-mer 出現頻度解析、染色体構造解析、および単一細胞 RNA-seq 解析に関する講義を行います。</p> <p><u>授業計画</u> 以下を予定しています：</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) ゲノム解析: バクテリアゲノム解析とその周辺(5/10:谷澤)</li> <li>2) ゲノム解析: k-mer 解析の基礎と応用(5/17:門田)</li> <li>3) ゲノム解析: Hi-C データを中心とした染色体構造解析(5/24:東)</li> <li>4) トランスクリプトーム解析(5/31:東)</li> </ol> <p><u>授業の方法</u> 講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 実習に対する取り組み姿勢およびレポートに基づいて総合的に評価します。</p> <p><u>参考書</u> ・先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム／編、独習 Python バイオ情報解析、羊土社、2021 ・坊農秀雄、生命科学データ解析、第 2 版、MEDSi、2021 ・坊農秀雄 編、RNA-Seq データ解析 Wet ラボのための鉄板レシピ、羊土社、2019 ・藤博幸 編、よくわかるバイオインフォマティクス入門、講談社、2018</p> <p><u>履修上の注意</u> ・RStudio と Python を利用予定です。詳細は、ITC-LMS(東大生)および Slack(主に外部生)にてお知らせします。</p>	

科目名	システム生物学概論 (科目番号:3912109)
	Introduction to Systems Biology
担当教員	有田正規
東大生講義日	7/1(金), 7/15(金), 7/22(金) ※講義時間は他の講義と異なり 13:00-17:00 です。
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 8/2~12/26, 課題提出 10/31 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u> 「生命をシステムとして理解する」ために必要な、オミックス情報解析の統計的、グラフ論的手法について解説します。</p> <p><u>授業計画</u> 以下を予定しています： 集中講義形式でビッグデータ、オミックス解析、ネットワーク解析といわれる分野の根底にある考え方(次元圧縮やスパースモデリング)を紹介します。また近年の研究動向も紹介します。集中講義形式のため3日間で7コマ分の授業を行います。</p> <p><u>授業の方法</u> 講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 実習に対する取り組み姿勢およびレポートにより判断します。</p> <p><u>参考書</u> Systems Biology: Simulation of Dynamic Network States by Bernhard O Palsson, Cambridge Univ Press, 2011 「システム生物学入門」 Uri Alon 著、倉田・宮野 訳 共立出版 2008 「理論生物学概論」 望月敦史 著 共立出版 2021</p> <p><u>履修上の注意</u> CellDesigner および R を利用予定です。インストールしておいて下さい。</p>	

科目名	フィールドインフォマティクス (科目番号:3912157) Field Informatics
担当教員	大森良弘、井澤毅、岩田洋佳、郭威、反田直之
東大生講義日	6/8(水), 6/15(水), 6/22(水), 6/29(水)
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 8/2~12/26, 課題提出 10/31 まで)
<p><b>授業の目標・概要</b></p> <p>耕地や農業施設等のフィールドにおける植物生産の量と質は、作物のゲノム情報のみで一義的に決まるのではなく、時間的空間的に変化する環境条件、土壌条件、および微生物等との相互作用の結果として決定しています。現在、ドローンや圃場環境センサーをはじめとする種々の観測装置が発達し、圃場全体からビッグデータが生成・収集されています。一方で、分析機器の高度化により、フィールド栽培植物を対象としたゲノム・トランスクリプトーム・メタボローム・イオノームやマイクロバイオームなどの膨大なオミクス情報が蓄積され始めています。これらの情報を最大限に活用するために必要となるフィールドインフォマティクスの理論や技術について実習形式で解説します。</p> <p><b>授業計画</b></p> <p>以下を予定しています：本講義は5名の教員によるオムニバス形式で実施します。</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) 「農業分野における画像解析」(6/8:郭)</li> <li>2) 「ゲノムと表現型の関連を利用する-GWAS とゲノミックプレディクション-」(6/15:岩田)</li> <li>3) 「作物の真の姿を知る-フィールドトランスクリプトーム解析-」(6/22:井澤)</li> <li>4) 「画像解析による植物の形質評価」(6/29 前半:反田)、「イオノーム情報を利用した機械学習(分類)」(6/29 後半:大森)</li> </ol> <p><b>授業の方法</b></p> <p>講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><b>成績評価の方法</b></p> <p>実習に対する取り組み姿勢およびレポートによる総合評価を行います。</p> <p><b>参考書</b></p> <p>講義中に、当該分野をさらに深く学習するための文献を紹介する場合があります。</p> <p><b>履修上の注意</b></p> <p>実習では R・RStudio を利用します(*6/8 は Matlab online を利用予定です)。本科目は基礎の「バイオスタティスティクス基礎論」、先端トピックスの「農学生命情報科学特論 II」、「農学生命情報科学特論 III」と関連しています。併せて履修することをおすすめします。</p>	

科目名	農学生命情報科学特論 I (科目番号:3912111)
	Special Lectures on Agricultural Bioinformatics I
担当教員	孫建強
東大生講義日	6/6(月), 6/13(月), 6/20(月), 6/27(月)
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 8/2~12/26, 課題提出 10/31 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>ICT や IoT 等の先端技術を活用し、効率よく高品質生産を可能にするスマート農業への取り組みは世界的に進められています。その基礎を支えている技術の一つがプログラミング言語。なかでも、習得しやすくかつ応用範囲の広い Python がとくに注目されています。これを受け本科目では、農学や分子生物学などの分野で利用される Python の最新事例を紹介しながら、Python の基礎文法の講義を行います。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>以下を予定しています：</p> <ol style="list-style-type: none"> <li>1) 変数の型、条件構文、繰り返し構文</li> <li>2) 文字列操作、テキストファイル操作</li> <li>3) NumPy および Pandas によるデータ解析入門</li> <li>4) matplotlib によるデータ視覚化</li> </ol> <p><u>授業の方法</u></p> <p>講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u></p> <p>実習に対する取り組み姿勢およびレポート(演習課題)に基づいて評価します。</p> <p><u>参考ウェブサイト</u></p> <p><a href="http://diveintopython3-ja.rdy.jp/">http://diveintopython3-ja.rdy.jp/</a>  <a href="https://utokyo-ipp.github.io/">https://utokyo-ipp.github.io/</a></p> <p><u>履修上の注意</u></p> <p>ご自身のノート PC を使用される場合は、Anaconda 2020.10(Python 3.8)以降のバージョンをインストールしてください。</p>	

科目名	農学生命情報科学特論 II (科目番号:3912112)
	Special Lectures on Agricultural Bioinformatics II
担当教員	櫻井玄、岩田洋佳、大森良弘
東大生講義日	6/3(金), 6/10(金), 6/17(金), 6/24(金)
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 8/2~12/26, 課題提出 10/31 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>スマート農業のために植物の環境に対する反応をモデル化するためには、統計的なアプローチも重要ですが、その生命現象を数理モデル化し、作物の成長過程をシミュレーションする方向性も重要です。しかし、各作物栽培系についてシミュレーションモデルを用いた産業的な試みはまだ端に付いたばかりであり、これから発展が見込まれる分野であると考えます。本講義では、各作物栽培系でシミュレーションモデルを構築していくための基礎を学ぶため、植物の生育や、植物と気象の関係、植物生理学的な生命現象を数理モデル化し、シミュレーションする手法を学びます。本講義が、自身で植物成長や植物体内物質動態などの生命現象の数理モデルを構築していく上で、その取り掛かりとなるものになることを目指します。講義では、モデルについて学ぶ座学といくつかの式についてのコーディング実習を行います。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>以下を予定しています：</p> <p>第一回(6/3): 植物と環境の関係の数理モデル 1 受光量の定式化・蒸散量の定式化</p> <p>第二回(6/10): 植物と環境の関係の数理モデル 2 植物の光合成の定式化・植物成長の定式化</p> <p>第三回(6/17): 植物内の水・物質の流れの数理モデル 水ポテンシャル・拡散方程式・土壌水分モデルの基礎</p> <p>第四回(6/24): 植物内の水の流れの数理モデル 植物体内の水の流れの数理モデル化</p> <p><u>授業の方法</u></p> <p>講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u></p> <p>実習に対する取り組み姿勢およびレポートによる評価を行います。</p> <p><u>参考書</u></p> <p>講義中に、当該分野をさらに深く学習するための文献を紹介する場合があります。</p> <p><u>履修上の注意</u></p> <p>実習では R・RStudio を利用します。</p>	



科目名	農学生命情報科学特論 III (科目番号:3912140)
	Special Lectures on Agricultural Bioinformatics III
担当教員	越塚登、小林真輔、大森良弘
東大生講義日	5/13(金), 5/20(金), 5/27(金) ※講義時間は他の講義と異なり 13:00-17:00 です。
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 8/2~12/26, 課題提出 10/31 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u></p> <p>ICT/IoT 技術や計測機器の発展により、現在、農業現場では植物の成長に関する様々なデータが得られるようになってきています。なかでも環境センサーを用いた栽培環境のモニタリングは、植物の環境応答の解析、植物栽培の効率化・省力化に必要な技術となっています。</p> <p>本講義では、附属生態調和農学機構の温室内に設置した環境センサーのデータを利用して、環境モニタリングに関する簡単なデータ処理プログラムの作成を行います。Python でデータ処理プログラムが書けるようになり、JSON や CSV 形式のデータが扱え、統計処理やグラフの作成などができるようになることを目指します。</p> <p><u>授業計画</u></p> <p>以下を予定しています：</p> <p>集中講義形式のため 3 日間で 7 コマ分の授業を行います。</p> <p>1 日目(4 時間): Jupyter で Python が書けるようになる</p> <p>2 日目(4 時間): JSON、CSV データの処理を学ぶ</p> <p>3 日目に関する課題の通知(例えば Visualize 等)</p> <p>3 日目(4 時間): 受講生による課題の発表</p> <p>補足講義</p> <p><u>授業の方法</u></p> <p>講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u></p> <p>課題と発表による評価を行います。</p> <p><u>参考書など</u></p> <p>講義中の参考資料などの紹介を行う場合があります。</p> <p><u>履修上の注意</u></p> <p>Google Colaboratory (Colab:クラウドの Python 実行環境)を利用します。本講義はプログラミングを初めて行う学生でも理解できる内容としていますが、多少なりともプログラミングの経験があることが望ましい(言語は問わない)。</p> <p>本科目は方法論の「フィールドインフォマティクス」、先端トピックスの「農学生命情報科学特論 II」と関連しています。併せて履修することをおすすめします。</p>	

科目名	農学生命情報科学特論 IV (科目番号:3912141)
	Special Lectures on Agricultural Bioinformatics IV
担当教員	野尻秀昭、鈴木治夫、矢原耕史、新谷政己、野田尚宏、松井求
東大生講義日	6/7(火), 6/14(火), 6/16(木), 6/21(火), 6/28(火) ※講義時間は他の講義と異なり 13:15-16:40 です。
外部生向け	オンデマンド配信あり (配信期間 8/2~12/26, 課題提出 10/31 まで)
<p><u>授業の目標・概要</u> 農業生産、発酵を含む農産物生産、排水処理、環境浄化には、目に見えない微生物の力が利用されています。また、地球規模で考えれば、炭素・窒素・リン・鉄など種々の元素の循環に、人や動植物の疾病において微生物はメインプレーヤーの一つとして活躍しています。一方で、微生物は目に見えず、多数の種で構成される集団として生活していることから、解析では情報科学的手法が使われることが多くなっています。本特論では、環境微生物研究にどの様にインフォマティクスが利用され、興味深い知見が得られているのかを学びます。</p> <p><u>授業計画</u> 以下を予定しています： 集団の内容を知る菌相解析、ゲノム機能の発現様式を知る各種の解析など、多様な微生物現象とそれらの機能メカニズムを探るインフォマティクスを講義する。</p> <p><u>授業の方法</u> 講義は Zoom を用いて実施します。講義後にオンデマンド配信も行う予定です。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 実習に対する取り組み姿勢およびレポートによる総合評価</p> <p><u>参考書など</u> 特に準備する必要はない。講義中に、当該分野をさらに深く学習するための文献を紹介する場合がある。</p> <p><u>履修上の注意</u> 事前に実習環境の準備が必要です。詳細は、ITC-LMS(東大生)および Slack(主に外部生)にてお知らせします。</p>	

科目名	農学生命情報科学特別演習 (科目番号:3912142)
	Research Exercise on Agricultural Bioinformatics
担当教員	本プログラム教員
実施日	担当教員の指示による
<p><u>授業の目標・概要</u> アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラムの教員が研究指導補助を行う特別演習です。</p> <p><u>授業計画</u> 学生が所属する研究室の指導教員との合意に基づいて、本プログラムの教員がバイオインフォマティクスに関する研究指導補助を行います。</p> <p><u>授業の方法</u> 研究指導による演習です。</p> <p><u>成績評価の方法</u> 研究指導を受けた学生は、例年 2 月に行われる審査会で研究内容を発表していただきます。口頭試問の結果、バイオインフォマティクスを農学・生命科学の研究に有効に適用している、あるいはバイオインフォマティクスの分野の発展に寄与していると認められれば単位と認定証が与えられます。</p> <p><u>参考書など</u> 特になし</p> <p><u>履修上の注意</u> 受講を希望する学生は必ず本プログラム事務局までご連絡ください。</p>	

## 7. プログラムメンバー

プログラムメンバーは、プログラム実施主体であるアグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット専任教員と、兼任教員により構成されています。また、多数の先生方に非常勤講師をお願いしています。詳しくは Web サイトをご覧ください。

<b>ユニット代表</b>		
<b>農学生命科学研究科長 堤 伸浩</b>		
<b>ユニット教員</b>		
准教授	門田 幸二	koji.kadota@gmail.com
准教授	大森 良弘	ayohmori@g.ecc.u-tokyo.ac.jp
<b>兼任教員（運営・講義担当）</b>		
准教授	寺田 透	農学生命科学研究科 応用生命工学専攻
教授	清水 謙多郎	農学生命科学研究科 応用生命工学専攻
教授	野尻 秀昭	農学生命科学研究科 アグロバイオテクノロジー研究センター
教授	永田 宏次	農学生命科学研究科 応用生命化学専攻
教授	有田 正規	国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJセンター
准教授	岩田 洋佳	農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻
<b>協力教員（講義担当）</b>		
教授	大島 研郎	法政大学 生命科学部 応用植物科学科
主席技術主幹	麻生川 稔	日本電気（株）第二官公ソリューション事業部
主任研究員	孫 建強	農業・食品産業技術総合研究機構 農業情報研究センター
<b>プログラム事務局職員</b>		
学術員	三浦 文	学術専門職員 寺田 朋子

## 8. 事務局連絡先

講義に関するご質問の他、ご自身の研究におけるバイオインフォマティクスの活用法に関するご相談も受け付けます。お気軽にメールにてお問い合わせください。

〒113-8657 東京都文京区弥生 1-1-1

東京大学大学院農学生命科学研究科

アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム 事務局 三浦 文

E-mail : [info@iu.a.u-tokyo.ac.jp](mailto:info@iu.a.u-tokyo.ac.jp)、URL : <https://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp>

弥生キャンパス地図:事務局は農学部 2 号館地下 1 階(14-2 号室)にあります。

