

2025 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(以降、本プログラム)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 21 年間にのべ 8900 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、本プログラムの Web サイトをご覧ください。

受講ガイダンス

学内者対象:

4/4(金)に本プログラムの Web サイトにガイダンス資料を掲載予定です。

4 月初旬に行われる研究科のガイダンスや説明会においても、本プログラムの紹介を行う予定です。

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 科目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**」の科目では、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**」の科目では、「基礎」の科目を土台として、様々なビッグデータの生成手法や観測装置、そしてそれらを解析するための計算機的手法(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**」の科目では、IoT の活用、大量かつ多様な実験・観測データの解析、研究の効率化と発展の手段として重要性が増しているプログラミングについて学ぶことができます。また、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。



4. 講義科目一覧

科目番号	科目名	ターム*	実施曜日
3912135	生物配列解析基礎	S1	水曜日
3912136	ゲノム情報解析基礎	S1	火曜日
3912103	バイオスタティスティクス基礎論	S1	金曜日
3912139	構造バイオインフォマティクス基礎	S1	木曜日
3912137	知識情報処理論	A1	集中
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	S1S2	木曜日
3912138	オーム情報解析	A1	集中
3912108	機能ゲノム学	S1S2	火曜日
3912109	システム生物学概論	S2	集中
3912157	フィールドインフォマティクス	S2	水曜日
3912111	農学生命情報科学特論Ⅰ	S2	集中
3912112	農学生命情報科学特論Ⅱ	S2	金曜日
3912140 [‡]	農学生命情報科学特論Ⅲ	S1	集中
3912141	農学生命情報科学特論Ⅳ	A1	集中
3912142	農学生命情報科学特別演習	—	開講しない

* 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科目として加えることができます。ただし、いわゆる両面開きの科目([†]、[‡])は、合格科目数として重複カウントできません。

3901159	生物測定学特論	S1	木曜日
3908101 [‡]	情報生命工学	S1	月曜日
4917490 [‡]	総合分析情報学特論 XVII	S1	月曜日
4917491 [†]	総合分析情報学特論 XVIII	S1	木曜日
4917891 [‡]	総合分析情報学特論 13A	S1	集中

5. 受講上の注意

【東京大学の学生の方】

- 全科目オンラインです。(但し、農学生命情報科学特論 IV のみ対面を予定。)Zoom の URL は UTAS または UTOL でお知らせします。講義後にオンデマンド配信も実施予定です(農学生命情報科学特論 IV を除く)。
- 講義は、主に 17:15-18:45、19:00-20:30 に行います。変更があった場合は UTAS または UTOL、X:@Agribio_utokyo で速やかにお知らせします。
- UTAS から UTOL への反映は 1 日かかります。講義直前に履修登録しても UTOL が閲覧できず講義資料が手に入らない、出席登録ができない等の問題が生じます。講義開始 2 日前までに UTAS での履修登録を完了してください。
- [utelecon](#) を参考にオンライン授業を受けるための準備を必ず行ってください。
- 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。詳細は研究科便覧をご覧ください。
- 使用言語は基本的に日本語です。英語版資料の有無は研究科便覧をご覧ください。
- 各講義科目詳細ページの履修上の注意に記載されたソフトウェアは予めインストールしておいてください。

【東京大学の学生以外の方】

- 東京大学の学生以外の方が本プログラムの講義を受講するためには、大学院科目等履修生となる必要があります。詳細は農学部の Web サイトをご覧ください。
(S ターム(4~9 月)の募集は終了しています。)
 - 大学院科目等履修生([農学部 Web サイト:大学院科目等履修生を希望の方へ](#))
- 令和 7 年度中に、東京大学アグリバイオインフォマティクススクール(有料)を開校予定です。詳細は本プログラム Web サイトで随時お知らせしてまいります。

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、門田幸二
講義日	4/9(水)、4/16(水)、4/23(水)、4/30(水)
<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、Python 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。 <u>授業計画</u> 以下を予定しています： 1) 「配列データベースとホモロジー検索」とその実習 2) 「ゲノムデータベースとプログラミング」とその実習 3) 「配列から機能を予測するさまざまな手法」とその実習 4) 「分子進化と系統樹作成」とその実習 <u>成績評価の方法</u> レポートで評価します。 <u>参考図書</u> ・坊農秀雅、Dr.Bono のゲノム解読、MEDSi、2024 ・坊農秀雅、小野浩雅 監修、生命科学研究のためのデジタルツール入門 第2版、MEDSi、2024 ・門田幸二、清水謙多郎、岸野洋久、寺田透 共編著、Web 連携テキスト バイオインフォマティクス 基礎から応用、培風館、2022 <u>履修上の注意</u> BLAST、MEGA、Python を利用予定です。各自の PC 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。 <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。	

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、森宙史
講義日	4/8(火)、4/15(火)、4/22(火)、5/13(火)
<u>授業の目標・概要</u> ゲノム情報解析の基礎的な事柄やメタゲノム解析について解説します。また、バイオインフォマティクス分野で頻用される k-mer 解析について解説します。 データ解析環境 R を用いた塩基配列解析について、基礎から丁寧に解説します。 <u>授業計画</u> 以下を予定しています： 1) ゲノム情報解析と RStudio のイントロダクション(4/8:門田) 2) メタゲノム解析の基礎(4/15:森) 3) メタゲノムの情報解析(4/22:森) 4) k-mer 解析の基礎と応用(5/13:門田) <u>成績評価の方法</u> レポートで評価します。 <u>参考図書</u> ・坊農秀雅、Dr.Bono のゲノム解読、MEDSi、2024 ・門田幸二、清水謙多郎、岸野洋久、寺田透 共編著、Web 連携テキスト バイオインフォマティクス 基礎から応用、培風館、2022 <u>履修上の注意</u> RStudio を利用予定です。 アグリバイオの教科書の付録ページの「R1.010 R 本体と RStudio とパッケージのインストール」および「R1.020 RStudio の基本的な利用法」を予め行っておいてください。このほか、各種サイトなどを参考にして、R(もしくは RStudio)の基礎的な事柄を予習しておくことをお勧めします。	

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
講義日	4/18(金)、4/25(金)、5/2(金)、5/9(金)
<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。 <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 <u>成績評価の方法</u> レポートで評価します。 <u>参考図書</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。 <u>履修上の注意</u> RStudio を利用予定です。 アグリバイオの教科書の付録ページの「R1.010 R 本体と RStudio とパッケージのインストール」および「R1.020 RStudio の基本的な利用法」を予め行っておいてください。	

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、川端猛
講義日	4/10(木)、4/17(木)、4/24(木)、5/1(木)
<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。 <u>授業計画</u> 以下を予定しています： 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 2) 立体構造からの情報抽出 3) 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 4) クライオ電子顕微鏡による立体構造決定のインフォマティクス <u>成績評価の方法</u> 実習のレポートの内容に基づいて評価します。 <u>教科書</u> ・門田幸二、清水謙多郎、岸野洋久、寺田透 共編著、Web 連携テキスト バイオインフォマティクス 基礎から応用、培風館、2022 <u>履修上の注意</u> UCSF Chimera、Modeller、CCP4 Software Suite を利用予定です。 本プログラム Web サイトのソフトウェアのインストールページなどを参照し、各自の PC に必要なソフトウェアを予めインストールしておいてください。	

科目名	知識情報処理論(科目番号:3912137)
	Knowledge Information Processing
担当教員	孫建強
講義日	10/7(火)、10/14(火)、10/21(火) ※講義時間は他の講義と異なり、13:00-17:00 です。
<u>授業の目標・概要</u> 人間が行う知識や情報の処理をコンピュータで再現しようとする試みは、古くから続けられてきました。その成果として、線形分離に優れたサポートベクトルマシンや、現在さまざまな分野で活用されている深層学習が挙げられます。これらのアルゴリズムでは、たとえば 0 と 1 のような単純な出力しか持たないモデルを複数組み合わせることで、より複雑な情報の記憶や処理が可能になります。この講義では、コンピュータが知識や情報をどのように処理しているかを可視化しながら学び、機械学習の本質を理解することを目指します。 <u>授業計画</u> 以下を予定しています： 1) 機械学習(教師あり学習、教師なし学習、scikit-learn) 2) 深層学習(パーセプトロン、ニューラルネットワーク等、scikit-learn、PyTorch) 3) 画像分類(ネットワーク設計、判断根拠の可視化等、PyTorch、GradCAM) 4) 物体検出(ラベル作成、検出・セグメンテーション、PyTorch、Label Studio) <u>成績評価の方法</u> レポートで評価します。 <u>教科書</u> 講義中に、さらに深く学習するための参考書を紹介する場合があります。 <u>履修上の注意</u> 講義では Google Colab を利用します。 また、基本的な Python を利用できる前提で講義します。プログラミング言語未修得者は、「農学生命情報科学特論 I」を受講しておください。	

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
講義日	5/8(木)、5/15(木)、5/22(木)、6/5(木)
<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。 <u>授業計画</u> 以下を予定しています： 1) 分子軌道法 2) 分子力学法 3) 分子動力学法 4) モンテカルロ法 5) 複合体モデリング <u>成績評価の方法</u> 実習のレポートの内容に基づいて評価します。 <u>参考図書</u> ・門田幸二、清水謙多郎、岸野洋久、寺田透 共編著、Web 連携テキスト バイオインフォマティクス 基礎から応用、培風館、2022 ・岡崎 進、コンピュータシミュレーションの基礎、化学同人、2000 <u>履修上の注意</u> UCSF Chimera、NAMD、Python を利用予定です。 本プログラム Web サイトのソフトウェアのインストールページなどを参照し、各自の PC に必要なソフトウェアを予めインストールしておいてください。	

科目名	オーム情報解析(科目番号:3912138)
	Omics Analysis
担当教員	門田幸二
講義日	10/8(水)、10/15(水)、10/22(水) ※講義時間は他の講義と異なり 13:00-17:00 です。
<u>授業の目標・概要</u> クラウド解析環境の整備により、今日ではゲノムをはじめとする様々なオームレベルの解析を簡便に実行できます。しかし多くの学生は、数式やアルゴリズムに対して苦手意識をもっています。本科目では、ゲノム配列中のある特徴をもった領域を同定する問題に焦点を絞り、基本的な考え方や性能評価指標など、アルゴリズム開発系研究者の思考回路を丁寧に解説します。具体的には、ゲノム配列中の CpG アイランド(CGI)領域を同定する問題に対して、最適化アルゴリズムの一種である粒子群最適化(PSO)を適用する事例の解説を通じて、数式やパラメータなどに対する苦手意識の払しょくを目指します。 <u>授業計画</u> 以下を予定しています： 1) エピゲノム解析と CGI 領域予測の基礎(教科書の 2.4 節) 2) PSO アルゴリズム(教科書の 2.6 節の前半) 3) 強化学習を用いた CGI 領域の伸長(教科書の 2.6 節の後半) <u>成績評価の方法</u> レポートで評価します。 <u>教科書</u> ・門田幸二、清水謙多郎、岸野洋久、寺田透 共編著、Web 連携テキスト バイオインフォマティクス 基礎から応用、培風館、2022 <u>参考図書</u> ・坊農秀雅、Dr.Bono のゲノム解読、MEDSI、2024 <u>履修上の注意</u> RStudio を利用予定です。 アグリバイオの教科書の付録ページの「R1.010 R 本体と RStudio とパッケージのインストール」および「R1.020 RStudio の基本的な利用法」を予め行っておいてください。このほか、各種サイトなどを参考にして、R(もしくは RStudio)の基礎的な事柄を予習しておくことをお勧めします。 本科目は「ゲノム情報解析基礎」および「機能ゲノム学」の一部とも関連していますので、併せて履修することをお勧めします。	

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
講義日	5/27(火)、6/3(火)、6/10(火)、6/17(火)
<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、Linux 基礎、比較ゲノム解析、染色体構造解析、および単一細胞解析について解説します。 <u>授業計画</u> 以下を予定しています： 1) バクテリアゲノム解析とその周辺(5/27:谷澤) 2) Linux で比較ゲノム解析(6/3:門田) 3) Hi-C データを中心とした染色体構造解析(6/10:東) 4) トランスクリプトーム解析(6/17:東) <u>成績評価の方法</u> レポートで評価します。 <u>参考図書</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 ・坊農秀雅、生命科学者のための Dr.Bono データ解析道場 第2版、MEDSi、2023 ・坊農秀雅 編、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 ・門田幸二、清水謙多郎、岸野洋久、寺田透 共編著、Web 連携テキスト バイオインフォマティクス 基礎から応用、培風館、2022 <u>履修上の注意</u> 実習では Linux と Google Colab を利用予定です。 本科目は「生物配列解析基礎」および「ゲノム情報解析基礎」と関連していますので、併せて履修することをお勧めします。	

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
講義日	7/4(金)、7/11(金)、7/18(金) ※講義時間は他の講義と異なり 13:00-17:00 です。
<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。 <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。 <u>成績評価の方法</u> レポート内容に基づいて評価します。 <u>参考図書</u> ・門田幸二、清水謙多郎、岸野洋久、寺田透 共編著、Web 連携テキスト バイオインフォマティクス 基礎から応用、培風館、2022 <u>履修上の注意</u> CellDesigner および R を利用予定です。 アグリバイオの教科書の付録ページの「R1.010 R 本体と RStudio とパッケージのインストール」および「R1.020 RStudio 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。	

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
講義日	6/11(水)、6/18(水)、6/25(水)、7/2(水)
<u>授業の目標・概要</u> 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。 <u>授業計画</u> 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。 1)「農業分野における画像解析」(6/11:郭) 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-」(6/18:岩田) 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-」(6/25:井澤) 4)「画像解析による植物の形質評価」(7/2 前半:反田)、「イオノーム情報を利用した機械学習(分類)」(7/2 後半:大森) <u>成績評価の方法</u> レポートに基づいて評価します。 <u>参考図書</u> ・門田幸二、清水謙多郎、岸野洋久、寺田透 共編著、Web 連携テキスト バイオインフォマティクス 基礎から応用、培風館、2022 <u>履修上の注意</u> 実習ではR(もしくはRStudio)を利用予定で、そ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。 アグリバイオの教科書の付録ページの「R1.010 R 本体と RStudio とパッケージのインストール」および「R1.020 RStudio の基本的な利用法」などを参考にして、R(もしくはRStudio)の基礎的な事柄を理解しておいてください。 本科目は「バイオスタティスティクス基礎論」、「農学生命情報科学特論 II」、「農学生命情報科学特論 III」と関連していますので、併せて履修することをお勧めします。	

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
講義日	7/1(火)、7/8(火)、7/15(火) ※講義時間は他の講義と異なり 13:00-17:00 です。
<u>授業の目標・概要</u> ICT や IoT 等の先端技術を活用し、効率的かつ高品質生産を実現するスマート農業が、世界的に進展しています。その基礎を支える重要な技術の一つがプログラミングです。なかでも、習得しやすかつ応用範囲の広い Python は、特に注目されています。本科目では、Python の基本文法を学びながら、スマート農業を支える探索的データ解析や統計解析など、実践的な応用方法を習得します。 <u>授業計画</u> 以下を予定しています： 1) Python 基礎(変数、データ型、制御構文) 2) 探索的データ解析(CSV データ、外れ値処理、グループ演算、可視化等) 3) 統計解析(t 検定、ANOVA、回帰分析等) 4) 塩基配列解析 <u>成績評価の方法</u> レポートで評価します。 <u>参考ウェブサイト</u> http://diveintopython3-ja.rdy.jp/ https://utokyo-ipp.github.io/ <u>履修上の注意</u> 講義では Google Colab (https://colab.research.google.com/) を利用しますが、Jupyter Notebook (https://jupyter.org/) を利用しても受講可能です。	

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、大森良弘
講義日	6/6(金)、6/13(金)、6/20(金)、6/27(金)
<u>授業の目標・概要</u> スマート農業のための技術開発や気候変動が作物の生産性に及ぼす影響の解析のためには、植物と環境の関係をシミュレートし、植物が光合成をし、水を吸収し、成長していく過程を解析していく技術が必要です。これらは作物モデルと呼ばれ、数多くの作物モデルがパッケージ化され、世界中で提供されています。 本講義では、それら作物モデルの基礎的な原理を学習することを通して、作物成長・植物生理学的な過程のシミュレーションをする基礎的技術を身につけることを目指します。また、これらを通して、植物学分野の数値計算の基礎的な知識も身につけることを目指します。 本講義では、Rによる数値計算の基礎的な知識から学びますので、Rについて未経験者でも受講可能です。講義とコーディング演習を通して学んでいきます。 <u>授業計画</u> 以下を予定しています： 第一回(6/6): 植物と環境の関係の数理モデル 1 R による数値計算の基礎 第二回(6/13): 植物と環境の関係の数理モデル 2 蒸散量の定式化・植物の受光・光合成の定式化 1 第三回(6/20): 植物と環境の関係の数理モデル 3 受光・植物の光合成の定式化 2・植物成長の定式化 第四回(6/27): 植物と環境の関係の数理モデル 4 水ポテンシャル・水の流れの数理モデル化 <u>成績評価の方法</u> レポートに基づいて評価します。 <u>参考図書</u> 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。 <u>履修上の注意</u> 実習では R・RStudio を利用予定です。	

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
講義日	5/14(水)、5/21(水)、5/28(水) ※講義時間は他の講義と異なり 13:00-17:00 です。
<u>授業の目標・概要</u> 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いきます。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・省力化に必要な不可欠な技術となっています。 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。	
<u>授業計画</u> 以下を予定しています： 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。	
1 日目 講義:IoT 環境概説 実習:Python を用いたプログラミング基礎 2 日目 講義:IoT 技術基礎 1 実習:実験ハウスで得られたデータを用いた、 データ処理プログラミング 3 日目 講義:IoT 技術基礎 2 実習:受講生による課題の発表	
<u>成績評価の方法</u> 課題と発表による評価を行います。	
<u>参考図書</u> 講義中に参考資料などの紹介を行う場合があります。	
<u>履修上の注意</u> 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(言語は問わず)の経験があることが望ましいです。 本科目は「フィールドインフォマティクス」、「農学生命情報科学特論 II」と関連していますので、併せて履修することをおすすめします。	

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、野田尚宏、松井求、新谷政己、浦山俊一、西村陽介、平岡聡史、西川洋平
講義日	10/6(月)、10/20(月)、11/17(月) ※講義は 10/6、11/17 は 3,4 限、10/20 は 2～4 限に行います
<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。 <u>授業計画</u> 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調べるインフォマティクスを、7 名の専門家に論じてもらいます。各回の担当講師は以下の予定です。 10/6 3 限 野田尚宏(産総研)、4 限 松井求(京都大) 10/20 2 限 新谷政己(静岡大)、3 限 浦山俊一(筑波大)、4 限 西村陽介(JAMSTEC) 11/17 3 限 平岡聡史(JAMSTEC)、4 限 西川洋平(産総研) <u>成績評価の方法</u> レポート内容に基づいて評価します。 <u>参考図書</u> 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。 <u>履修上の注意</u> 対面講義で実施予定です。	

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。詳しくは本プログラムの Web サイトをご覧ください。

ユニット長		
農学生命科学研究科長 東原 和成		
副ユニット長		
教 授	岩田 洋佳	農学生命科学研究科 生産・環境生物学専攻
ユニット教員		
准教授	大森 良弘	ayohmori@g.ecc.u-tokyo.ac.jp
准教授	門田 幸二	koji.kadota@gmail.com
特任教授	清水 謙多郎	shimizu@bi.a.u-tokyo.ac.jp
兼任教員(運営・講義担当)		
教 授	寺田 透	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
協力教員(講義担当)		
教 授	大島 研郎	法政大学 生命科学部 応用植物科学科
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
プログラム事務局職員		
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ています。

〒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

E-mail: info@iu.a.u-tokyo.ac.jp

URL: <https://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp>

X: @Agribio_utokyo

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。

