| BOSHT VI PA | | 1 |
|---|---|---------------------------------------|
| 開講科目名 | バイオデータプログラミング演習 II / Exercise of Biological | |
| /Course | Data Programming II | |
| 時間割コード | 47243-24 | |
| /Course Code | | |
| 共通科目コード | GFS-MJ6D05S1 | |
| /Common Course Code | | |
| 学部/大学院 | 大学院/Graduate | |
| /Undergraduate/Graduate | N-FML/ Graduate | |
| 開講所属 | 新領域創成科学研究科メディカル情報生命専攻/Graduate | |
| ∕Course Offered by | School of Frontier Sciences Computational Biology and | |
| ターム・学期 | Medical Sciences | |
| | 2023年度/Academic Year A 2/A2 | |
| ∕Term · Semester | | |
| 曜限 | 集中/Int | |
| /Day, Period | | |
| 開講区分 | A 2 / A 2 | |
| /semester offered | | |
| 単位数 | 1 | |
| /Credits | | |
| 学年 | M1/M2/D1/D2/D3 | |
| /Year | 1111112,011,02,03 | |
| 他学部履修 | 可 | |
| /Available to students in other faculties | -9 | |
| 備考 | | |
| /Notes | | |
| 主担当教員 | | |
| /Main Instructor | 鈴木 - 絢子、関 - 真秀 | |
| | 柏その他(学内等) 2F 講義室/Kashiwa Campus (Other) 2F 講 | |
| /Classroom | 義室 | |
| | 教員所属名 | 職名 |
| /Instructor | /Affiliation | /Job Title |
| 鈴木 絢子 | 新領域創成科学研究科 | 准教授 |
| 関 真秀 | メディカル情報生命専攻 | 特任准教授 |
| 伊藤耕一 | メディカル情報生命専攻 | 教授 |
| | | 准教授 |
| 木立 尚孝 | メディカル情報生命専攻 | /庄子/文 |
| 講義題目 | バイオデータプログラミング演習II | |
| /Subtitle | | - 販的に明交子が計中が明か子やテレスは |
| | 「バイオデータプログラミング演習II」では、現在、先駆的に開発され試用が開始されている情報がある。 カー・フェー・ファイン アンド・ファイン アント・ファイン アン・ファイン アン・ファイン アン・ファイン アン・ファイ | |
| 授業の目標、概要 | 報解析ツール群を用い、その利用法について、実データ | |
| | 物学的に解析意義をもった実データに対して、データの | |
| /Course Objectives/ Overview | 慮条件およびパラメーター等の解析条件を最適化する手法を習得する。 | |
| 授業情報 | 演習形式で、実際に大規模シークエンスデータの解析を行う。 | |
| /Class information | 2 - 2 - 2 - 2 - 2 - 2 - 2 - 2 - 2 - 2 - | |
| | | バイオインフォマティクス、大規模シー |
| 授業のキーワード | 日本語用 | クエンスデータ解析、オミクス解析、シ |
| | | ングルセル解析、ロングリード解析 |
| ∕ Keywords | ∕ Japanese | ファルビル所作の、ロングリート所作が |
| | | Bioinformatics, Next-generation |
| | 英語用 | sequencing analysis, Multi-omics |
| | | analysis, Single-cell analysis, Long- |
| | /English | read analysis |
| | | |

| 授業計画 | 大躍 4限・5限 | |
|------------------------------|---|--|
| 文集計画 / Schedule | THE TIES OF EACH | |
| / Seriedule | 11/30 (木) | |
| | 1. 計算機環境の説明、オミクス解析準備 | |
| | 12/14 (木) | |
| | 2. オミクス解析(トランスクリプトーム・エピゲノム) | |
| | 12/21 (木) | |
| | 3. オミクス解析(ゲノム) | |
| | 1/4 (木) | |
| | 4. シングルセル解析 基礎 | |
| | 1/11 (木) | |
| | 5. シングルセル解析 発展 | |
| | 1/18 (木) | |
| | 6. ロングリード解析 | |
| | 1/25 (木) | |
| | テスト | |
| | | |
| | | |
| | http://dstep.cbms.k.u-tokyo.ac.jp/ | |
| | | |
| /Teaching Methods | ■ ■ 演習形式で、実際に大規模シークエンスデータの解析を行う。授業コンテンツおよび習熟度確認 | |
| / 10aa.m.g 11aa.aa | テストは、講義終了後にe-learning形式でも提供する。 | |
| | 3 2 | |
| | | |
| ✓ Grade Evaluation | 出席、e-learningによる習熟度確認テスト、および、最終開講日に行う試験の結果による。 | |
| 教科書 | | |
| /Textbook | 「東大式 生命データサイエンス即戦力講座」羊土社 | |
| | 44 | |
| /Reference | 特になし | |
| 履修上の注意 | 日本語による。 | |
| | バイオデータプログラミング演習I既習相当の情報解析力を前提としているため、履修希望者の | |
| | 数によっては、第一回の講義で簡単な確認テストを行う場合がある。基本的な情報リテラシーを | |
| ∕ Notes on Taking the Course | 問うものであるので、受講者はこのテストに合格できることが望ましい。テストの内容は、基礎 | |
| | 的なlinuxコマンド、簡単なプログラミング(ファイルの開閉、文字列の検索・抜き出しなど; | |
| | 言語は問わない)等を想定している。 | |
| | 受講者はMacまたはWindowsノートPCを用意する必要がある。第一回の講義で計算機環境のア | |
| | 支請者はMacまだはWindowsノートPCを用息する必要がある。第一回の講義で計算機環境のアーカウント配布や解析準備を行う予定なので、履修者は第一回の講義を必ず受講するものとする。 | |
| | プラント 日のは「かかに手間でコントたるシー(、皮形白はカー 四の時我でかず 文碑するものとする。 | |
| 関連ホームページ | http://dstep.cbms.k.u-tokyo.ac.jp/ | |
| /Course-Related Websites | http://datap.somis.ma_tanyo.ac.ip/ | |
| その他 | | |
| /Others | | |
| メールアドレス | dstep@edu.k.u-tokyo.ac.jp | |
| /e-mail address | C Conjugacije | |
| 授業使用言語 | 日本語 | |
| /Language Used in Class | | |
| 優評価「上位3割」適用科目 | 適用しない/Not apply | |
| /Grading guidelines subject | | |
| LMS連携有無 | LMS連携有/Link | |
| /LMS link or not | | |
| 授業実施形態 | オンライン型(オンラインのみで実施)/Fully Online: All classes conducted online | |
| /Course delivery modalities | | |