科目ナンバリング	G-MED11 2E035 LB87										
授業科目名 <英訳>	ゲノムインフォマティクス Genome Informatics					担当者所属・職名・氏名	医学研究科　特定准教授 沖　真弥				
配当学年	修士	単位数	2	開講年度・開講期	2022・後期	曜時限	金4	授業形態	講義・演習	使用言語	日本語

[授業の概要・目的]

本講義では、演習形式でRNA-seq, ChIP-seq, ATAC-seqなどのシーケンスデータを解析し、得られた結果に対する生物学的・生理学的な解釈や病態メカニズムの考察の導出を目的とする。本講義ではまず、公共データやウェブツールを触ってみることにより、ゲノム情報解析の世界を俯瞰する。つぎに、シェルスクリプトを中心としたプログラミングや解析技術を演習形式で学び、オミクス解析を体感する。さらに、得られた結果から遺伝子の制御機構や発症プロセスとの関連についてみんなでディスカッションし、今後おもしろいと思われる実験やアイデアを創出する。

[到達目標]

1. ゲノム解析の公共データを利活用する。
2. シェルスクリプトを中心としたプログラミング技術を身につける。
3. 遺伝子・発現制御・SNP・病気との関係を理解する。
4. 最終課題では、〇〇-seqを含む好きな論文を選んで自分でデータ解析し、得られた結果に対する生物学的な解釈や病気との関連について考察したプレゼンを披露していただく。

[授業計画と内容]

≪場所：メディカルイノベーションセンター １階 セミナー室≫
1) ウェブツール演習 ゲノム情報の可視化
2) ChIP-seq解析演習 (1) 公共データの活用
3) ChIP-seq解析演習 (2) アライメント
4) ChIP-seq解析演習 (3) バイナリ化
5) ChIP-seq解析演習 (4) データの可視化
6) ChIP-seq解析演習 (5) ピークコール
7) ChIP-seq解析演習 (6) Functional annotation
8) ATAC-seq解析演習 (1) アライメント・ピークコール
9) ATAC-seq解析演習 (2) GWASデータの解析
10) RNA-seq解析演習 (1) アライメント
11) RNA-seq解析演習 (2) 発現が変動する遺伝子の抽出
12) RNA-seq解析演習 (3) Gene ontology解析
13) 解析環境の構築
14) シングルセル解析演習 (1)
15) シングルセル解析演習 (2)
16) 最終課題：プレゼン

[履修要件]

・RNA-seq, ChIP-seq, ATAC-seqなどのシーケンス技術に興味がある者が望ましいが、知識や経験は問わない。
・初心者向けの演習なので、プログラミングスキルがゼロでも全く問題ない。むしろシーケンス解析の経験者にとっては物足りないかもしれない。
・昨年は学生だけでなく医師や教職員が単位不要で受講していたため、意欲があれば誰でも参加し

ゲノムインフォマティクス(2)へ続く↓↓↓

てよいが、PandA への登録が必要。
・講義の録画を PandA より配信する。閲覧するためには PandA への登録が必要。

[成績評価の方法・観点]

50% 講義中の発言回数 + 簡単な宿題
50% 最終課題

[教科書]

使用しない

[参考書等]

（参考書）
清水厚志, 坊農秀雅 『次世代シークエンサーDRY解析教本　改訂第2版』（学研プラス）ISBN:978-4780909838（授業では使わないが、できれば購入を勧める）

（関連ＵＲＬ）

https://oki-lab.jp(講師の研究紹介)
https://togotv.dbcls.jp/20220210.html(講師の学会発表のようす)
https://chip-atlas.org(講師が開発した ChIP-seq データベース)

[授業外学修（予習・復習）等]

・講義後に簡単な宿題を出し、自分でプログラムを書いてもらうことがある。
・予習や復習は必要ないが、各自のパソコン等を用いてプログラミングを自習することも可能である。

（その他（オフィスアワー等））

各自ノートパソコンを持参すること。
オンサイトでの受講希望者が１５名を超える場合は抽選（修士の学生を優先する）。

【連絡先】
創薬医学講座事務室（contact@ddm.med.kyoto-u.ac.jp）

※オフィスアワーの詳細については、KULASISで確認してください。