

授業案内/Syllabus

授業科目名	ゲノム情報解析基礎
曜限	火5・6限
ターム・学期	S1
単位数	1
教員名	門田 幸二 准教授 / 森 宙史 非常勤講師
授業の目標、概要	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。
授業のキーワード	ゲノム,R,アンプリコン解析,メタゲノム解析,微生物,マイクロバイオーーム,系統,PCRバイアス,DNA抽出,dada2,ASV,OTU,k-mer解析,ゲノムサイズ推定
授業計画	2025年 4月8日、15日、22日、5月13日 17:15~20:30 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 2) メタゲノム解析の基礎 3) メタゲノムの情報解析 4) k-mer解析の基礎と応用
授業の方法	講義はZoomを用いて実施します。
成績評価方法	レポート内容に基づいて評価します。
教科書	特になし。
参考書	・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
履修上の注意・準備学習等(予習、復習)	・RStudioを利用予定です。 ・ https://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/textbook/appendix.html のR1.010やR1.020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。
その他	許可なく講義画面のスクリーンショットを撮影することや、講義の録画・録音すること、これらを第三者がわかるような形でアップロードすることは、不正行為と見なされます。講義のZoom URLを第三者に提供することも不正行為と見なされます。
関連ホームページ	https://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/
メールアドレス	info@iu.a.u-tokyo.ac.jp