

遠隔インタラクティブ講義 **計算生命科学の基礎 III** 生命科学と理工学の融合による生命理解と医療・創薬への応用
2016年10月4日（火）～2017年1月24日（火）毎週火曜日 17:00～18:30 全15回

はじめに

計算生命科学の概要

森 一郎 (神戸大学大学院科学技術イノベーション研究科 特命教授)

生物学、医学・薬学、農学等の生命科学の研究は、急速に進歩しつつあるコンピュータやIT技術、情報科学との融合により、計算生命科学という学際的な領域を築きつつある。ビックデータ解析技術、そして人工知能研究の進展がさらにその流れを加速している。本講義では、核酸やタンパク質の分子レベルの基礎研究から医療・創薬への応用までの例を取り上げながら、講義全体の導入紹介を行う。

- <今後の予定>
- 2016/10/11 「ゲノムに記された遺伝ビッグデータを読む－ヒトゲノム計画から大規模個人ゲノム解読時代の到来まで－」
清水 厚志（岩手医科大学いわて東北メディカル・メガバンク機構特命教授）
 - 2016/10/18 「ゲノム情報からの生命現象・病理現象の統計解析」
山田 亮（京都大学大学院 医学研究科附属ゲノム医学センター 統計遺伝学分野 教授）

開催日時：2016年10月4日（火）17:00-18:30

【申し込み方法】

参加費は無料です。受講は、インターネット受講か神戸大学会場受講かを選択できます。参加する講義は1回からでも自由に選択可能です。

神戸大学計算科学教育センターのホームページから開催日前日までにお申し込みください。詳しくはホームページをご覧ください。

http://www.eccse.kobe-u.ac.jp/distance_learning/life_science3/

★神戸大学会場受講の場合

申し込みなしでも当日参加可能です。直接会場にお越しください。会場では講師に直接質問が可能です。



〈講義スケジュール〉

はじめに	
2016/10/4	計算生命科学のための概要
第1編 バイオインフォマティクス	
2016/10/11	ゲノムに記された遺伝ビッグデータを読む－ヒトゲノム計画から大規模個人ゲノム解読時代の到来まで－
2016/10/18	ゲノム情報からの生命現象・病理現象の統計解析
2016/10/25	ゲノム・タンパク質のバイオインフォマティクス入門
2016/11/1	人工知能研究と生命科学－ディープラーニングのバイオテクノロジーへの応用可能性－
第2編 構造生命科学のための分子シミュレーション	
2016/11/8	計算生命科学のための量子化学基礎
2016/11/15	フラグメント分子軌道法の基礎と応用
2016/11/22	QM/MM法を用いたタンパク質機能解析
2016/11/29	分子シミュレーションを活用した創薬支援技術
2016/12/6	ドッキングソフトの原理と実際
第3編 計算生命科学の最前線	
2016/12/13	創薬における計算生命科学：インフォマティクスとシミュレーションを融合したインシリコスクリーニングと設計
2016/12/20	製薬企業におけるデータサイエンス
2017/1/10	計算生物学によるシステムの理解からの創薬への展開
2017/1/17	全脳アーキテクチャ・イニシアティブ：脳全体のアーキテクチャに学び人間のような汎用人工知能の構築を目指す
2017/1/24	計算生命科学がもたらすものへの期待

【主催】 神戸大学 計算科学教育センター

【企画協力】 CBI学会、日本バイオインフォマティクス学会

【共催】 神戸大学連携創造本部、理化学研究所生命システム研究センター ポスト「京」重点課題1、産業技術総合研究所創薬分子プロファイリング研究センター、

理化学研究所計算科学研究機構、公益財団法人計算科学振興財団

【後援】 兵庫県、神戸市、公益財団法人都市活力研究所、NPO法人バイオグリッドセンター関西