

第1編 バイオインフォマティクス

ゲノムに記された遺伝ビッグデータを読む ー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ー

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)

2003年に完了したヒトゲノム計画ではヒトの参照配列を構築するまでに13年もの月日と数千億円以上の予算を要した。現在ヒト1人のゲノムはわずか数日、20万円以下の予算で解読が可能である。本講義ではヒトゲノム計画から現在の個人ゲノム解読の時代までの歴史と次世代シーケンサーによる解析の概要について紹介すると共に、ゲノム解読の課題についても議論したい。

- <今後の予定> 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)
- 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」
木下 賢吾 (東北大学大学院 情報科学研究科 生命システム情報科学 教授)

開催日時：2016年10月11日（火） 17:00-18:30

【申し込み方法】

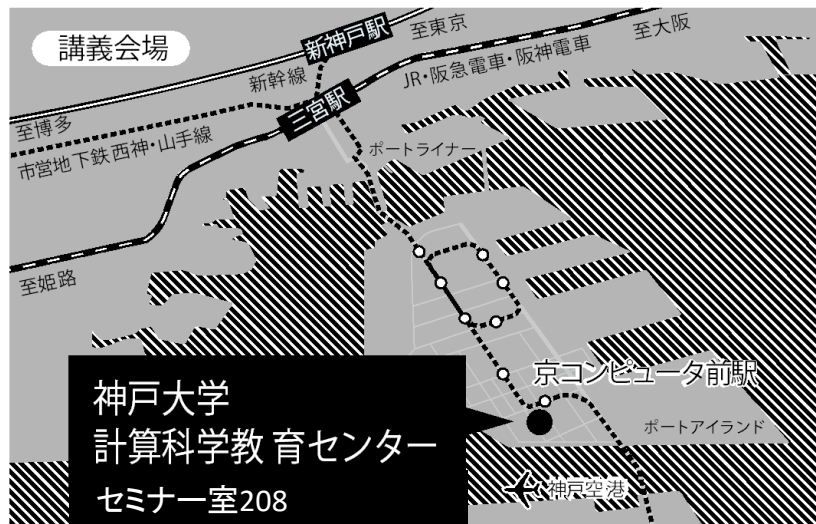
参加費は無料です。受講は、インターネット受講か神戸大学会場受講かを選択できます。参加する講義は1回からでも自由に選択可能です。

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 ー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ー
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 ー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ー
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