

## 第1編 バイオインフォマティクス

# 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）

ゲノムを含めた各種オミクスデータから有用な情報を読み取るために様々な統計解析・データマイニングのアプローチがなされている。本講義では、遺伝統計学の基礎的な考え方である、ジェノタイプとフェノタイプの捉え方を概説するとともに、現在のゲノム・オミクスデータの統計解析手法の現状と課題を俯瞰した上で、多重検定問題、高次元データへの対応、ハイスループット実験データの取り扱い、異種データの統合に焦点を当てて説明する。

- 〈今後の予定〉
- 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）
  - 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」  
石田 貴士（東京工業大学 情報理工学院 情報工学系 准教授）

## 開催日時：2016年10月18日（火） 17:00-18:30

### 【申し込み方法】

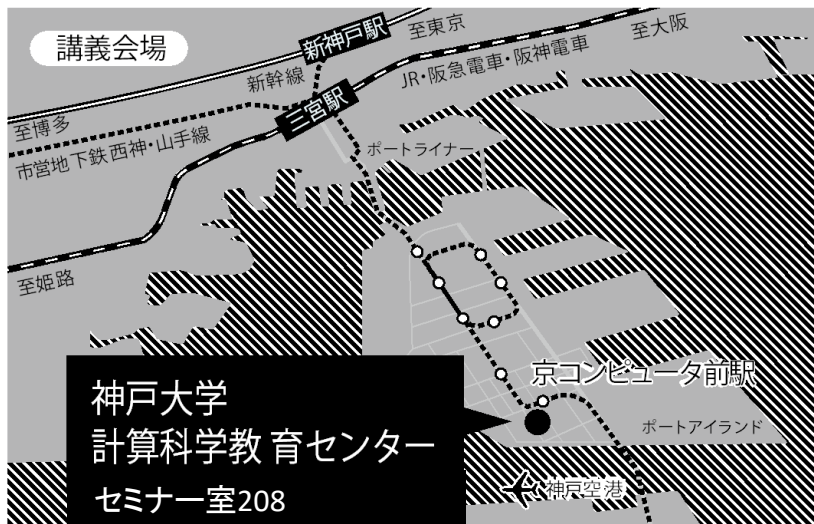
参加費は無料です。受講は、インターネット受講か神戸大学会場受講かを選択できます。参加する講義は1回からでも自由に選択可能です。

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/](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