

分子生命科学 (バイオインフォマティクス) Bioinformatics

Grade	3	前期・後期	前期	単 位	1	科目分類	分子	選択(学科指定)専門
主担当教員	小島 正樹			GPA	対 象		応用	選択専門
コンピテンシー	情報収集・課題解決・批判的思考・論理的思考						医科	選択専門
履修前提								

ねらい

バイオインフォマティクス(生物情報科学)は、生命科学と情報科学の境界領域の学問分野である。1990年代のヒトゲノム計画の進行や、その後のポストゲノム研究の流れから、大量のデータが生み出されてきた。世界的規模で蓄積されたビッグデータの中から、意味のある生物情報をいかに取り出し、新たな学問分野を創出するかが、今後の課題となっている。本講義では、このようなバイオインフォマティクスの概要を取り扱う。またバイオインフォマティクス技術者認定試験の対策も行うので、データサイエンスやAI(人工知能)の基礎を学ぶのに最適な科目である。

一般目標

バイオインフォマティクスの基礎と、関連する情報科学の諸概念を理解する。

授業内容

回 数	テーマ	到達目標
1	ペアワイズアライメント、グラフ理論	ドットマトリクス法を活用できる。配列アライメントのスコアを計算し、動的計画法により最適化することができる。グラフ理論の基本用語を説明できる。与えられたグラフがオイラーグラフか否かを判別できる。
2	進化系統解析	配列アライメントから距離行列を計算し、進化系統樹を作成できる。最大節約法、最尤法のアルゴリズムを説明できる。
3	マルチプルアライメント、配列解析の統計学	ゲノムや配列の情報量とエントロピーを計算できる。マルチプルアライメントの計算原理を説明できる。アミノ酸の類似性を変異頻度の観点から説明できる。統計学の仮説検定によりアライメントの有意性を評価できる。
4	タンパク質の立体構造	ラマチャンドランプロットを読むことができる。フォールドクラスについて説明できる。立体構造のRMSDを計算できる。
5	ネットワーク解析	ブール代数によりラクトースオペロンを解析できる。リン酸化による細胞内情報伝達機構を微分方程式系のネットワークとして解析できる。
6	機械学習、オートマトン	与えられたデータ空間を線形分離できる。サポートベクトルマシン(SVM)の概要を説明できる。与えられた記号列を受理する有限オートマトンを設計できる。隠れマルコフモデル、チューリング機械、セルオートマトンの概要を説明できる。
7	言語理論、小テスト	ある終端記号列が正規文法から生成されるか否かを判別できる。互いに等価な正規文法と有限オートマトンを示すことができる。バイオインフォマティクスに関する基本的な問題を解くことができる。

準備学習：授業内容の復習とバイオインフォマティクス技術者認定試験対策のため、期日までにCodexでCBT演習を(予習・復習等) 行うこと。

授業形式：シナリオ学習、プリントでの作業、授業内演習を併用する。授業や課題に関する連絡はCodexで行う。

課題に対する：CBT演習は、毎回解き終わるごとに正解と解説が表示される。小テストの正解と解説はCodexに掲載するフィードバックの方法。(試験やレポート等)

評価方法：平常点(口頭試問、黒板で回答)25%、CBTのスコア33%、小テストの素点42%

教科書：日本バイオインフォマティクス学会編、「バイオインフォマティクス入門」、慶應義塾大学出版会、2015、ISBN:978-4-7664-2251-1

参考書：M. Sipser著(太田・田中監訳)、「計算理論の基礎(原著第2版)1.オートマトンと言語」、共立出版

その他特記事項：授業では実際に問題を解きながら進めるので、毎回休まず出席すれば、十分理解できる。
