



BIC
Bioinformatics Center
Institute for Chemical Research, Kyoto University

ゲノム情報科学研究教育機構

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター
http://www.bic.kyoto-u.ac.jp/index_J.html

東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター
<http://www.hgc.jp/japanese/>

科学技術振興調整費「ゲノム情報科学研究教育機構」
バイオインフォマティクス 講義ビデオライブラリ



HGC
Human Genome Center
Institute of Medical Science, University of Tokyo

ゲノム情報科学研究教育機構

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンターと東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センターは、科学技術振興調整費新興分野人材養成プログラムにより、2002年度から2006年度まで「ゲノム情報科学研究教育機構」と名づけたバイオインフォマティクス人材養成プログラムを実施してきました。

社会的ニーズの高いバイオインフォマティクス分野の若手人材を、同センターにおける高度専門教育と、京都大学薬学研究科と連携した副専攻教育の2つの観点から行いました。

バイオインフォマティクス講義ビデオライブラリ

この人材養成プログラムの中核は、日本バイオインフォマティクス学会が策定した新しいカリキュラム（第1版）に基づく大学院レベルの講義です。京大化研-東大医科研-京大薬学間のテレビ会議システムを使い、バイオインフォマティクスの様々な分野で活躍する講師陣が週2回の講義を行ってきました。その講義をビデオ撮影し、講師の PowerPoint スライドとともにライブラリ化したのが、このバイオインフォマティクス講義ビデオライブラリです。

多岐にわたる最先端のバイオインフォマティクスの高度な講義を、自分の好きな時に、レベルに合わせて受講できることが、この講義ビデオライブラリの大きな特色です。

京大バイオインフォマティクスセンター、京大薬学研究科、及び東大ヒトゲノム解析センター以外に所属する方がバイオインフォマティクス講義ビデオを見るためには、聴講生として事務局への登録が必要となります。

(※聴講生は、氏名と所属先が本ホームページで公開されることをご了承下さい。)

http://www.bic.kyoto-u.ac.jp/egis/announce_1.html の「聴講生の登録」をよくお読みの上、お申し込み下さい。

選考後、聴講生登録の可否をご通知いたします。

聴講生として登録が認められた方には、事務局よりアカウントが配布されます。そのアカウント登録が完了した日から、バイオインフォマティクス講義ビデオライブラリへ自由にアクセス可能となります。

講義ビデオライブラリの対応スペックは下記をご覧ください。

バイオインフォマティクス講義ビデオライブラリ



講義ビデオライブラリの受講方法

◆対応スペック

講義ビデオは Contents Auto Library(CAL) システムを導入しています。

視聴には、Quicktime6.5以上が必要です。以下の環境で動作確認がされています。

MacOSX 10.3 以上

対応ブラウザ：Netscape 7.1、Safari2.0.x、FireFox1.5.x

Windows2000/XP pro

対応ブラウザ：Internet Explorer 6.1 以上、FireFox1.5.x

お問い合わせ先：〒611-0011 京都府宇治市五ヶ庄

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター内

ゲノム情報科学研究教育機構事務局

Tel: 0774-38-3270 Fax: 0774-38-3269

2006 年度ビデオライブラリ

● バイオスタティスティクス特論 (0601)

- 1/16 カテゴリカルデータ解析: 山口
- 1/23 マルコフモデル: 上田
- 1/30 情報量規準: 井元
- 2/6 ブートストラップ: 下平
- 2/13 経時データ解析: 山口
- 2/20 カーネル法: 山西
- 2/27 発現パターン分類: 吉田
- 3/6 QTL 解析: 中道

● バイオアルゴリズム特論 (0602)

- 10/3 アルゴリズム概論: 宮野
- 10/10 配列アライメント: 後藤
- 10/17 文字列とパターン発見: 渋谷
- 10/24 機械学習: 馬見塚
- 10/31 グラフアルゴリズム: 渋谷
- 11/7 ケモインフォマティクス: 服部
- 11/14 糖鎖インフォマティクス: 木下
- 11/2 立体構造比較と予測: 阿久津

● ゲノム情報解析特論 (0603)

- 5/9 ゲノムからの知識発見: 金久
- 5/16 遺伝子発見: 矢田
- 5/23 タンパク質機能予測: 中井
- 5/30 タンパク質相互作用予測: 藤
- 6/6 系統樹推定法: 隈
- 6/13 ゲノム比較とゲノム進化: 市原
- 6/27 形態進化と分子進化: 大友
- 7/4 ゲノム創薬: 江口

● ネットワーク情報解析特論 (0606)

- 1/19 マイクロアレイ入門: 川島
- 1/26 遺伝子ネットワーク推定 I: 油谷
- 2/2 遺伝子ネットワーク推定 II: 堀本
- 2/9 生化学反応とシミュレーション: 荒木
- 2/16 代謝ネットワーク解析: 五斗
- 2/23 パスウェイのモデリングとシミュレーション: 土井
- 3/2 ネットワークモチーフ: 林田
- 3/9 スケールフリーネットワーク: 阿久津

※ 2006 年度につきましては、順次アップロード予定です。

● バイオインフォマティクス特別講義 (2006/6/24)

- Peer Bork (EBI) Predicting biological function at different scales
- Steve Bryant (NCBI) CDD:NCBI's protein family/subfamily classification database
- Lynda Ellis (Minnesota) Seeking the vertebrate secretome
- Ilya Shmulevich (ISB) Eukaryotic cells are dynamically ordered or critical but not chaotic
- Dietmar Schomburg (Cologne) From enzyme classification and metabolome research to systems biology
- Cristin Print (Auckland) What can the transcriptome tell us about

2005 年度ビデオライブラリ

● バイオスタティスティクス特論 (0501)

- 4/19 バイオスタティスティクス概論: 堀本
- 4/26 分類・判別: 吉田
- 5/17 ブートストラップ: 下平
- 5/24 マルコフモデル: 上田
- 5/31 質的データ解析: 堀本
- 6/7 QTL 解析: 中道
- 7/1 情報量規準: 井元
- 10/18 カーネル法: Vert

● アルゴリズム特論 (0502)

- 4/22 アルゴリズム概論: 宮野
- 5/13 文字列索引構造: 渋谷
- 5/20 配列アライメント: 後藤
- 5/27 機械学習: 馬見塚
- 6/3 立体構造比較と予測: 阿久津
- 6/10 グラフアルゴリズム I: 山口
- 6/14 パターン発見: 丸山
- 6/17 グラフアルゴリズム II: 渋谷

● ゲノムデータ解析特論 (0503)

- 10/4 ゲノムからの知識発見: 中井
- 10/11 遺伝子発見: 矢田
- 10/25 分子進化的解析法: 隈
- 11/1 系統樹推定法: 隈
- 11/8 形態進化と分子進化: 大友
- 11/15 進化情報を用いたタンパク質機能解析: 藤
- 11/22 立体構造を用いたタンパク質機能解析: 藤
- 11/29 ゲノム比較とゲノム進化: 市原

● ネットワーク解析特論 (0506)

- 1/17 遺伝子ネットワーク推定 I: 井元
- 1/24 遺伝子ネットワーク推定 II: 油谷
- 1/31 反応ネットワーク予測: 五斗
- 2/7 代謝制御解析: Schwartz
- 2/14 モデリングとシミュレーションの技術: 宮野
- 2/21 パスウェイのモデリングとシミュレーション: 長崎
- 2/28 ネットワークモチーフ: 林田
- 3/7 スケールフリーネットワーク: 阿久津

● システム生物学特論 (0508)

- 1/20 マイクロアレイ入門: 川島
- 1/27 発現パターン分類: 堀本
- 2/3 プロテオミクス入門: 中井
- 2/10 ゲノム比較によるネットワーク機能解析: 藤
- 2/17 生化学反応とシミュレーション: 荒木
- 2/24 ケモインフォマティクス: 服部
- 3/3 糖鎖インフォマティクス: 木下

2004 年度ビデオライブラリ

● バイオスタティスティクス特論 (0401)

- 9/17 多変量解析概論: 堀本
- 9/24 分類・判別: de Hoon
- 10/1 質的データ解析: 堀本
- 10/8 情報量規準: 井元
- 10/15 ブートストラップ: 下平
- 10/22 マルコフモデル: 上田
- 10/29 QTL 解析: 中道
- 11/5 カーネル法: Vert

● アルゴリズム特論 (0402)

- 5/7 配列アライメント I: 後藤
- 5/14 配列アライメント II: 渋谷
- 5/21 配列アライメント III: 馬見塚
- 5/28 文字列索引構造: 坂内
- 6/11 立体構造アライメント: 阿久津
- 6/25 計算量理論: 上田
- 7/2 グラフアルゴリズム I: 山口
- 7/9 グラフアルゴリズム II: 山口

● ゲノムデータ処理特論 (0403)

- 4/27 ゲノムデータ解析とデータ処理: 平川
- 5/11 遺伝子発見: 矢田
- 5/18 ゲノム比較と遺伝子予測: 後藤
- 5/25 遺伝子アノテーション: 金久
- 6/8 ゲノムからの知識発見: 中井
- 6/15 オーソログクラスター: 片山
- 6/22 立体構造予測 I: 阿久津
- 6/29 立体構造予測 II: 馬見塚

● ゲノム進化特論 (0405)

- 9/14 分子進化的解析法: 隈
- 9/21 系統樹推定法: 隈
- 9/28 立体構造比較と構造の進化: 藤
- 10/5 進化情報を用いたタンパク質機能解析: 藤
- 10/12 立体構造を用いたタンパク質相互作用解析: 藤
- 10/19 ゲノム比較法概論: 堀本
- 10/26 形態進化と分子進化: 大友
- 11/12 ブロック重複によるゲノム進化: 市原

● ネットワーク解析特論 (0406)

- 12/3 マイクロアレイ入門: 川島
- 1/14 発現パターン分類: 堀本
- 1/21 遺伝子ネットワーク推定 I: 井元
- 2/4 遺伝子ネットワーク推定 II: 油谷
- 2/11 プロテオミクス入門: 中井
- 2/18 ゲノム比較によるネットワーク機能解析: 藤
- 2/25 ネットワーク計算の諸問題: 渋谷
- 3/8 スケールフリーネットワーク: 阿久津

● システム生物学特論 (0408)

- 11/30 生化学反応とシミュレーション: 荒木
- 1/18 代謝化合物の構造比較: 服部
- 1/25 糖鎖の構造比較: Aoki
- 2/1 反応経路探索: 五斗
- 2/8 代謝制御解析: 倉田
- 2/15 ゲノム情報に基づくシステム再構築: 金久
- 2/22 パスウェイのモデリングとシミュレーション I: 宮野
- 3/1 パスウェイのモデリングとシミュレーション II: 宮野

2003 年度ビデオライブラリ

● バイオスタティスティクス特論 (0301)

- 10/7 ノンパラメトリック回帰: 井元
- 10/14 教師あり学習: de Hoon
- 10/21 離散確率モデル: 上田
- 10/28 ブートストラップ: 下平

● 配列解析アルゴリズム特論 (0302)

- 11/4 文字列集合アルゴリズム: 坂内
- 11/11 配列アライメント (1): 阿久津
- 11/18 配列アライメント (2): 山口
- 11/25 配列類似性による遺伝子ネットワークの解析: 中谷
- 12/2 機械学習/データマイニングと配列解析: 馬見塚

● ゲノムデータ処理特論 (0303)

- 10/3 ゲノム配列解析とデータ: 平川
- 10/10 遺伝子アノテーション: 金久
- 10/17 ヒトゲノムから未知の遺伝子を発見する: 矢田

● ゲノム比較特論 (0304)

- 10/24 ゲノム比較法概論: 堀本
- 10/31 ゲノム比較と遺伝子予測: 後藤
- 11/7 ゲノム比較による機能解析: 藤

● 分子進化特論 (0305)

- 11/14 分子進化的解析法の基礎: 隈
- 11/21 系統樹推定法と生物系統関係: 隈
- 11/28 進化情報を用いた機能解析: 藤

● 発現プロフィール解析特論 (0306)

- 1/13 入門: 川島
- 1/20 分類: 堀本
- 1/27 ネットワーク推定 I: 井元
- 2/3 ネットワーク推定 II: 油谷

● 計算化学特論 (0307)

- 1/16 生化学反応とシミュレーション: 荒木
- 1/23 代謝化合物の構造と比較: 服部
- 1/30 生物学のための情報化学データベース: 五斗

● タンパク質ネットワーク解析特論 (0308)

- 2/6 2次元電気泳動、質量分析: 中井
- 2/27 相互作用解析技術: 藤
- 3/2 タンパク質相互作用ネットワーク解析: 馬見塚
- 3/5 タンパク質・低分子相互作用ネットワーク解析: 阿久津

● 生命知識システム特論 (0309)

- 2/17 生命知識の組織化とオントロジー: 平川
- 2/24 KO と GO のアーキテクチャ: 金久

● パスウェイ工学特論 (0310)

- 3/12 システムバイオロジーの計算戦略: 宮野
- 3/12 Petri Net によるモデル化: 宮野

※ この講義はライブラリ化されておりません。