

科目コーディネータ (科目責任者)	西塚 哲 特任教授				問合せ先	医学部教務課 大学院担当			
科目コーディネータ所属	医歯薬総合研究所 医療開発研究部門				連絡先	内線5512、5511、5510/ idaigakuin@j.iwate-med.ac.jp			
講義場所	矢巾キャンパス 東講義実習棟 1F 1-B講義室								
区分等	区分	講義	回数	前期 8回	単位	1	配当年次	1・2	
担当教員	前沢 千早 (腫瘍生物学研究部門 教授) 西塚 哲 (医療開発研究部門 特任教授) 木村 英二 (人体発生学分野 准教授) 久保田 美子 (分子医化学分野 准教授)				大桃 秀樹 (生体情報解析部門 特任准教授) 須藤 洋一 (生体情報解析部門 特任准教授) 小巻 翔平 (生体情報解析部門 講師)				
教育成果 (アウトカム)	教育成果						該当するディプロマポリシー		
	生命情報の最新の解析手法を学ぶことにより、疾患の理解を深め、新しい診断法や治療法の開発を実現するための基盤を形成する。						1,2,3,4,5,6,7,8		
達成目標	達成目標				対象講義				
	(1) バイオ研究手法を列記できる。				1				
	(2) ゲノム解析手法を説明できる。				2				
	(3) ヒト疾患関連遺伝子の同定法と利用法を説明できる。				3				
	(4) リバースジェネティクスとフォワードジェネティクスの有用性を説明できる。				3				
	(5) 遺伝子改変動物の作製法を説明できる。				4				
	(6) ゲノム編集の手法を説明できる。				4				
	(7) エピゲノムの解析法を説明できる。				5				
	(8) 発生文化とエピゲノム制御機構の関連を説明できる。				6				
	(9) バイオマーカーの同定法を利用法を説明できる。				7				
(10) バイオインフォマティクスの目的と有用性を説明できる。				8					
資格取得等									
成績評価方法	<p>【2021年度以降の入学者】 受講票により総合的に評価する。成績は、ABCD (A:100~80点、B:79~70点、C:69~60点、D:59~0点)の4段階評価とし、ABC (60点以上)を合格とする (60点未満は再提出)。</p> <p>【2020年度までの入学者】 出席、レポートなどにより総合的に評価する。</p>								
特記事項	<p>各講義に対する事前学修の時間は最低30分を要し、内容は担当教員に確認すること。 受講票の記載が不十分な場合は、担当教員がコメントをつけて返却するので、期日までに再提出すること。 講義資料、課題提出に関しては、Web Classを活用し、講義動画をe-learningシステムで配信する。</p> <p>【2021年度以降の入学者】 受講後2週間以内に「受講票」を作成し、Web Classにアップロードすること。なお、講義を欠席した場合やオンデマンド形式の講義については、e-learningシステムから講義動画を視聴し、別途指定する期限までにWeb Classにアップロードすること。</p> <p>【2020年度までの入学者】 講義の欠席は履修手帳で管理する。講義を欠席した場合は、e-learningシステムから講義動画を視聴し、別途指定する期限までに「受講票」をWeb Classにアップロードすること。</p>								
教科書・参考書									

月日	曜日	時限	内容/到達目標	担当教員	講義場所
8月配信			<b>(1) 遺伝子変異と表現型の生化学的理解</b> 変異の生成メカニズムを理解し、ゲノム解析によって同定された変異が生化学的にどのような意味があるのか(表現型との対応)を検証する方法について学ぶ。	久保田美子 (分子医化学分野)	e-learning (動画視聴)
			<b>(2) ゲノム解析(ゲノムワイド関連解析)</b> 1) 遺伝的形質の種類について説明できる。 2) ジェノタイプング手法について説明できる。 3) GWASの特徴と必要なデータについて説明できる。	須藤洋一 (生体情報解析部門)	e-learning (動画視聴)
8月配信			<b>(3) トランスクリプトーム解析(遺伝子発現解析)</b> 1) RNAについて説明できる。 2) トランスクリプトーム(遺伝子発現)解析について説明できる。 3) トランスクリプトーム(遺伝子発現)解析の実験技術について説明できる。	大桃秀樹 (生体情報解析部門)	e-learning (動画視聴)
			<b>(4) モデル動物の研究手法:リバースジェネティクスとフォワードジェネティクス</b> リバースジェネティクスとフォワードジェネティクスの概念ならびに実際のモデル生物を用いた具体的な実施例を提示する。必要に応じて自分の研究への導入ができるよう学習する。	木村英二 (人体発生学分野)	e-learning (動画視聴)
9月配信			<b>(5) エピゲノム解析(DNAメチル化解析)</b> DNAメチル化の現象としての概要、生物学的意義、測定方法、そしてDNAメチル化情報解析を活用した研究分野について学習する。	小巻翔平 (生体情報解析部門)	e-learning (動画視聴)
			<b>(6) 発生分化とエピゲノムの制御</b> エピゲノム制御による、生体の発生・細胞分化制御とその解析法について学習する。	前沢千早 (腫瘍生物学研究部門)	e-learning (動画視聴)
9月配信			<b>(7) ゲノム・プロテオーム解析とバイオマーカー</b> バイオマーカーとしてのゲノム情報、プロテオーム情報はどのように生成され解析されるのかを学習する。	西塚哲 (医療開発研究部門)	e-learning (動画視聴)
			<b>(8) 臨床研究のためのバイオインフォマティクス</b> ゲノムやプロテオームなどの定量データを臨床情報と統合し、どのように臨床的有用性を得るのかを学習する。	西塚哲 (医療開発研究部門)	e-learning (動画視聴)