

科目ナンバリング					
授業科目名 <英訳>	RNAインフォマティクス演習 RNA Informatics Exercise	担当者所属・ 職名・氏名	医学研究科 特定教授 大槻 元 医学研究科 特定准教授 飯田 慶		
配当学年	修士	単位数	2	開講年度・開講期	2025・後期不定
曜時限	火5・6 大槻、金5・6 飯田	授業形態	演習（対面授業科目）	使用言語	日本語及び英語
[授業の概要・目的]					
本講義では、生命科学・基礎医学になくってはならない解析技術であるシングルセルRNAシーケンス解析について、演習形式で学ぶことを目的とする。RNA解析の基本的な導入から始め、解析パイプライン、Rでのコマンドライン入力、FASTQファイルの読み込み方法から、データ統合や可視化の方法について実例から学ぶ。さらにRNAスプライシング解析、公共データセットの解析と可視化までをそれぞれ演習形式で、RNA情報解析技術を習得することを目指す。データをつかったゲノム情報を単一細胞レベルで解析し、将来の研究に活用できるスキルを伝授する。空間解析についても紹介する。演習ではRおよびRstudio、Pythonなどを使用する。					
[到達目標]					
シングルセルRNA解析について演習形式で学び、生命科学、医学生物学における基礎研究や臨床サンプル、公共データの解析方法を習得する。RNAスプライシング情報の統計解析法を学ぶ。					
[授業計画と内容]					
【場所はいずれも、MIC棟 2 階 会議室】					
第1回・第2回 10月14日（火）5・6 <担当: 大槻> 「scRNA-seq, Analysis introduction for beginner」シングルセルRNA解析演習Ⅰ（解析入門） スタンダードパイプライン、コマンドライン入力の基礎、FASTQファイルのraw data からのデータ解析、Rstudioとは？ Qualityコントロール					
第3回・第4回 10月28日（火）5・6 <担当: 大槻> 「scRNA-seq, Hand-on workshop」シングルセルRNA解析演習Ⅱ Step-by-step: 標準化、教師なしクラスタリング、アノテーション					
第5回・第6回 11月11日（火）5・6 <担当: 大槻> 「scRNA-seq, Data integration and differential expression analysis」シングルセルRNA解析演習Ⅲ データ統合（サンプルを1つのデータセットに統合）、火山図やヒートマップを用いた差次的発現解析と可視化 CITE-seq、TCR-seq、VISIUMプラットフォームなどの他のアッセイの解析法					
第7回・第8回 11月25日（火）5・6 <担当: 大槻> 「scRNA-seq, Advanced visualization and wrap-up」シングルセルRNA解析演習Ⅳ Advanced visualization、空間解析 総括：データのダウンロードから可視化まで（公共データセットの解析）					
第9回・第10回 12月5日（金）5・6 <担当: 飯田> 「Splicing variation analysis from RNA-seq」RNA-seqからのスプライシング変動解析Ⅰ Short Read, Bulk RNA-seqデータを対象に、ゲノムへのマップ済みデータの取り扱いやRNAスプライ					
RNAインフォマティクス演習(2)へ続く↓↓↓					

RNAインフォマティクス演習(2)

シング情報の抽出法を学ぶ

第11回・第12回 12月19日(金) 5・6 <担当: 飯田>

「Splicing variation analysis from RNA-seq」 RNA-seqからのスプライシング変動解析 II

RNAスプライシング情報を統計的に扱い、Differential Alternative Splicing (DAS)を同定する方法を学ぶ

第13回 1月13日(火) 5・6

外部講師による特別講義

(外部講師の都合によって、日程が変更する場合がある。火5・火6・金5・金6のいずれかで調整する)

第14回・第15回 1月27日(火) 5・6 <担当: 大槻>

プレゼンテーション(最終課題)

第1回～12回、14回・15回は隔週で2コマずつ実施(火曜日または金曜日)。

第14回・15回 プレゼンテーション(最終課題)は、参加者による解析と発表の機会です。

[履修要件]

これまでRNAシングルセル解析をしたことがない大学院生や研究者、また、これから始めようとする方々を対象とする。

単位取得希望者は、KULASISにて履修登録してください。意欲があれば誰でも受講してよい。

[成績評価の方法・観点]

50% 講義中の質問、講義内容の理解度、講義に対する積極性

50% 最終課題：プレゼンテーション

[教科書]

特に指定なし

[参考書等]

(参考書)

RNAの科学(金井昭夫、朝倉書店)など、関連する事前知識がある方が望ましい。

[授業外学修(予習・復習)等]

- ・講義後に簡単な宿題を出し、自分でプログラムを書いてもらうことがある。
- ・予習は必要ないが、復習することで力量が増す。

(その他(オフィスアワー等))

各自ノートパソコンを持参すること(Windows または macOS ラップトップ、最低 8 GB RAM が必要、16 GB RAM 推奨)。

RNAインフォマティクス演習(3)へ続く↓↓↓

RNAインフォマティクス演習(3)

- ・ Windowsを使用する場合、Windows Subsystem for Linux (WSL)をインストールをしてください（講義中で説明します）
- ・ R と RStudio をインストールをしてください（講義中で説明します）
- ・ Seurat、harmony、tidyverse パッケージをインストールしてください（講義中で説明します）
- ・ 受講は10名まで。希望者が10名を超える場合は抽選（修士の学生を優先する）。

【連絡先】

創薬医学講座事務室（contact@ddm.med.kyoto-u.ac.jp）

オフィスアワーの詳細については、KULASISで確認してください。