

登録コード	HS110600	開講年度	2026				
授業題目	ゲノム科学特論				担当教員	松村 英生 他	
英文授業名	Advanced Genomics				副担当	堀江 智明・野村 隆臣	
単位数	2	講義期間	通年(集中)	曜日・時限	集中・不定期	対象学生	総合理工学専攻1～3年
				授業形態	講義	備考	
信大コンピテンシー	非該当						
(1)授業の達成目標/Course objectives	ディプロマポリシー・授業で得られる「学位授与の方針」要素				(授業の達成目標)		
	2026HS加, 2025HS加, 2024HS加, 2023HS加						
	【専攻】理工学系の専門分野における深い知識・卓越した技能				最新のゲノム情報およびゲノム科学技術を利用した生命現象の解明さらには食糧、医療、環境問題解決に向けた研究戦略を遂行するための知識や考え方を身につける。		
(2)詳細 /Detailed information	近年、技術の進歩が著しいゲノム解析技術の最新動向を理解し、その技術を研究や応用への活用する戦略について学ぶ。（松村） 気候変動時代に生きる者として、それが食糧の安定供給にどのような影響を与えるかを学ぶ。また、植物の基礎・応用科学の知見や技術を駆使する事で、“人口が増加する中で食糧供給量は減少する”という苦難の時代をどのように凌ぎ得るかを考える機会とする。（堀江） 現代生物学の基盤を築きつつある、ゲノム解析から得られるビックデータの基本的な活用法について学ぶ。特に、ゲノム情報を元にした遺伝子発現およびその制御機構に関して、最新の知見を元に理解する。（野村） Students will develop an understanding of the latest trends in genome analysis technology, an area in which there has been remarkable progress in recent years, and study strategies for using that technology in research and other applications. (Matsumura) As people who live in an age of climate change, we will study how such changes impact the stable supply of food. In addition, the course will give students an opportunity to think about how humanity can overcome a challenging time in which our supply of food is declining even as the population grows by leveraging knowledge and technology in the pure and applied science of plants. (Horie) Students will study basic methods for utilizing big data obtained from genome analysis, whose practitioners are in the process of laying the foundations for contemporary biology. In particular, they will draw on the latest knowledge to develop an understanding of gene expression and the mechanisms for its control based on genomic information. (Nomura)						
(3)授業の概要 /Overview of course	現在までのDNAシーケンス技術と今後実用化される技術の紹介（研究開発の現状）を紹介し、さらにそれらの解析で得られるデータを医療や農業に活用する研究例を紹介する。加えて大規模DNA配列データを解析するプログラムや技法についても指導する。（松村担当） 著しく悪化すると予想される近未来の農業環境下で食糧供給を維持して行くためには、種々の環境ストレスに耐性を示す穀類を中心とする作物の育種が重要である。本講義では、植物基礎科学の最新知見と新旧の育種技術を融合し、ストレス耐性に寄与する天然遺伝資源からの有用自然変異の発掘と利用や最新のゲノム編集技術に媒介される分子育種の試みが、劣悪農業環境が拡大する近未来の食糧安定供給に向けて不可欠な鍵の一つである事を学ぶ。（堀江担当） ポストゲノム解析として盛んに進められているトランスクリプトーム/プロテオーム解析の概要について説明し、遺伝子発現の基本事項から最新の知見まで紹介する。また、遺伝子発現の制御におけるリボソームの関与についても議論する。（野村担当） The course will introduce DNA sequence technologies developed to date and technologies that will be commercialized in the future (by examining the current status of research and development), and it will profile examples of research that utilizes data obtained through such analysis in medicine and agriculture. In addition, the course will offer guidance concerning programs and techniques for analyzing large-scale DNA sequence data. (Matsumura) In order to maintain our food supply in an agricultural environment that is forecast undergo a striking deterioration in the near future, it will be important to breed crops, particularly grains that exhibit resistance to a variety of environmental stressors. In this course, students will combine the latest knowledge from pure plant science with old and new breeding technologies as they learn how the discovery and utilization of useful natural mutations from natural genetic resources that contribute stress resistance and experiments in molecular breeding mediated by the latest genome editing technologies will serve as an essential key as we look to ensure a stable supply of food in the near future, when a poor agricultural environment is expected to expand. (Horie) The course will provide an overview of transcriptome/proteome analysis, an area that is seeing remarkable advances as post-genome analysis, and it will introduce topics ranging from the basic elements of gene expression to the most recent knowledge. In addition, the involvement of ribosomes in the control of gene expression. (Nomura)						
(4)授業計画 /Course plan	（松村担当）現在のゲノムシーケンス解析の主要技術と戦略1（short read sequenceを利用した方法）、現在のゲノムシーケンス解析の主要技術と戦略2（long read sequenceを利用した方法）、今後展開されるDNAシーケンス技術の原理と優位性並びに活用の可能性、大規模DNA配列データのアセンブル方法について、大規模なゲノム多型検出の解析技術について、大規模DNA配列データのマッピングと多型検出解析の実践、ゲノム多型情報の活用1 ゲノムワイドアソシエーション解析、ゲノム多型情報の活用2 QTLマッピング （堀江担当）気候変動と土壌劣化：農業への影響、作物の育種：在来の育種法と人類の歴史、作物の野生種と栽培種：生物・非生物的ストレス耐性機構の違い、メンデル遺伝と新しい遺伝学：ゲノム科学の幕開け、天然遺伝資源の発掘と交雑系統群の利用、突然変異誘発系統群の作製とその利用、分子育種						

(4)授業計画 /Course plan	(1) : ゲノム編集技術と育種への新展開、分子育種 (2) : マーカー選抜育種法とQTL解析、大規模DNA配列の解析技術と生物情報科学の重要性 (野村担当) トランスクリプトーム/プロテオーム解析の概要、遺伝子発現の流れ: 分子生物学のセントラルドグマの最新知見、リボザイムとしてのリボソームの機能構造、リボソームによる遺伝子発現制御 上記の各内容についての各教員が各々2時間x5回ずつ (計2時間x15回) の授業を実施する。 (Matsumura) Principal technologies and strategies in current genome sequence analysis I (methods using short read sequences); principal technologies and strategies in current genome sequence analysis II (methods using long read sequences); principles, advantages, and potential uses of DNA sequence technologies that will be developed in the future; assembly methods for large-scale DNA sequence data; technology for analyzing large-scale genome polymorphism detection; practice of mapping of large-scale DNA sequence data and polymorphism detection analysis; utilization of genome polymorphism information I (genome-wide association analysis), utilization of genome polymorphism information II (QTL mapping) (Horie) Climate change and soil degradation: effects on agriculture; crop types: future breeding methods and human history; wild and cultivated crop species: differences in biotic and abiotic stress resistance mechanisms; Mendelian heredity and new genetics: raising the curtain on genomics; discovery of natural genetic resources and utilization of groups of hybrid strains; creation and use of groups of mutagenic strains; molecular breeding I: genome editing technologies and new applications in breeding; molecular breeding II: marker selective breeding methods and QTL analysis; large-scale DNA sequence analytical technology and the importance of bioinformatics (Nomura) Overview of transcriptome/proteome analysis; genetic expression process: the latest knowledge in the central dogma of molecular biology; functional structure of ribosomes and ribozymes; control of genetic expression by ribosomes Each faculty member will hold five two-hour classes (for a total of 15 two-hour classes) on the above topics.
(5)成績評価の方法 /Grading/evaluation method	課題の提出 Submission of assigned work
(6)成績評価の基準 /Grading/evaluation criteria	各担当教員が課す課題において 各回の授業内容を詳細に理解し、ゲノム科学に関連した学術論文の内容を客観的に評価をすることが評価できる:秀 各回のゲノム科学に関わるトピックスの内容を詳細に理解し、最新のゲノム科学論文を理解することができる:優 各回のゲノム科学に関わるトピックスの内容を詳細に理解していると評価できる:良 各回のゲノム科学に関わるトピックスの概要を理解していると評価できる:可 Work assigned by responsible faculty members If the student has a detailed understanding of each class's content and can evaluate the content of academic papers related to genomics in an objective manner: Excellent If the student has a detailed understanding of genomic-related topics discussed in each class and can understand the latest genomics-related academic papers: Very good If the student has a detailed understanding of genomic-related topics discussed in each class: Good If the student has a general understanding of genomic-related topics discussed in each class: Satisfactory
(7)事前事後学習の内容/Prep and review work	自身の研究テーマおよび本授業で取り扱うテーマに関する海外の学術論文を積極的に読み、幅広い知識を身につける。 Students must cultivate broad knowledge by actively reading overseas academic papers related to both their own research theme and themes covered by the course.
(8)履修上の注意 /Notes	
(9)質問,相談への対応/Questions and requests for advice	メールにて受け付ける Questions will be accepted by email. hideoma@shinshu-u.ac.jp horie@shinshu-u.ac.jp nomurat@shinshu-u.ac.jp
(10)授業の形式 /Course format	各自の研究テーマに応じて担当教員がディスカッション形式で実施。 Responsible faculty members will hold discussions based on their research themes.
【教科書 /Textbook(s)】	指定しない/Not specified

【参考書 /Reference work(s)】	指定しない/Not specified
--------------------------------	---------------------