

データサイエンス入門 Introduction of Data Science

1年 前期 1年必修科目 1.5単位

川口 崇、恩田 健二、倉田 香織、長谷川 要

授業の目的（ねらい）

薬剤師となり医薬品の有効性や安全性を理解するためには、人を対象として行われた研究の結果を解釈できるようになる必要があります。人を対象とした研究は臨床研究と呼ばれています。臨床研究の結果を解釈するためには、疫学や統計学といった知識が必須で、研究をする立場になれば、データを解釈する能力だけでなく、データを扱うこと能力も求められます。さらに近年の技術革新によって、AIや様々なデジタル機器が臨床研究で活用されるようになり、医療者にも一般的な教養としてデータサイエンスの知識が必要な時代になりました。医療の現場で活用される様々なデータ活用を学ぶ第一歩として本科目を履修していただき、統計関連の科目や薬剤疫学、医薬品情報への導入となることを目的としています。

学修到達目標

- 1) 社会、医療、保健、介護、福祉におけるデータ・AIの利活用を説明できる。
- 2) 社会、医療、保健、介護、福祉におけるデジタル技術の利活用を説明できる。
- 3) データを用いて、基本的なデータ加工と結果の解釈ができる。
- 4) 基本的なデータリテラシーについて説明できる。

授業概要

次の項目について、講義する。

- 1) 社会におけるデータ・AI利活用
 - 2) データの読み方・データの解釈
 - 3) データ・AI利活用における留意事項
 - 4) データサイエンスに関する話題
 - 5) 医療におけるデータの利活用
- (株)ベネッセコーポレーション作成のデジタル教材等を使用します。

授業計画

回数	担当	内容	コアカリとの 関連コード
1	川口、恩田、倉田、長谷川	受講上の注意点、データサイエンスとは	B-5-2-1
2	〃	社会で起きている変化、社会で活用されているデータ	B-5-2-1,4
3	〃	AIの活用領域、AI利活用のための技術	B-5-2-1,3
4	〃	データ活用とは	B-5-2-1,4
5	〃	AI利活用の現場、AI利活用の最新動向	B-5-2-1,3
6	〃	データを読む（1）	B-5-2-1,5
7	〃	データを読む（2）	B-5-2-1,5

8	〃	データを説明する	B-5-2-1,5
9	〃	データを扱う	B-5-2-1,5
10	〃	データ・AIを扱う上での留意事項（１）・（２）	B-5-2-1～2
11	〃	データを守る上での留意事項のまとめ、医療におけるデータの利活用事例	B-5-2-1～4
12	〃	AI・データサイエンストレンド	B-5-2-3～4

授業で行っている工夫（アクティブラーニング、思考力・判断力・表現力の向上に向けた取り組み）

実際に操作しながら学ぶことができる教材を使用している。

成績評価方法

＜レポート・課題により評価する＞

- 1) 形成的評価
- a) 知識:講義に繰り返し可能な確認テストを行う。
- b) 技能:実際にエクセルを用いた演習を行う。
- 2) 総括的評価
- a) 知識:講義内に実施する確認テスト、レポートを総合的（100%）に評価する。

教科書

（株）ベネッセコーポレーション作成のデジタル教材を使用（動画・PDF資料あり）

参考書

教養としてのデータサイエンス（データサイエンス入門シリーズ） 北川 源四郎（編集）,竹村 彰通（編集） 講談社（2021/6/17） ISBN:978-4065238097

オフィスアワー

長谷川 要：いつでも可。但し、メールによる予約が必要。
恩田 健二：いつでも可。但し、メールによる予約が必要。
倉田 香織：いつでも可。但し、メールによる予約が必要。
川口 崇：いつでも可。但し、メールによる予約が必要。

準備学習（予習・復習等）

必ず資料はダウンロードして、事前にスライドを読んで講義に臨んでください。
講義後の確認テストで間違えたところは、よく復習をしてください。
初回を対面で行う予定です。PCを必ず持参してください。

学生へのフィードバック

学生から寄せられた質問などに対し、必要に応じて全学生に対してその内容を伝え、解説や資料紹介などの対応を行っている。

備考

実務家教員担当科目

 ナンバリングコード

RB11101

情報科学 I Computer Science I

Grade	1	前期・後期	前期	単 位	1	科目分類	分子	必修総合	
主担当教員	森河 良太			GPA	対 象		応用		
							医科		
担当教員	野口 瑤、西田 洋平								
コンピテンシー	自己管理・実行・倫理観								
履修前提									

ねらい

受講者は自分の所有するノートパソコンを教材として毎回持参し、ノートパソコンを学内LAN に接続できる講義室にて、実習の要素を取り入れた授業を受けます。これを通し、自然科学およびSociety 5.0においてコンピュータが果たす役割と重要性を認識するとともに、生命科学におけるICT活用のための、データサイエンスに基づく基礎スキルを養ってください。また人間とICT との本来あるべき関係について考えてみましょう。

一般目標

コンピュータおよびインターネットの基本原理を理解する。
自分のノートパソコンを用いて、データを活用できるスキルを身につける。
統計的、計算的、人間的視点からデータと情報の概念について理解する。
データ駆動型社会において主体的にICTを活用する方法を各々の個性に応じて創造できる。

授業内容

回 数	担 当	テーマ	到達目標
1	森河（主）、野口	コンピュータ機器と情報セキュリティ	コンピュータにおける2進数表現による情報の取り扱いとハードウェアの役割について説明できる。情報セキュリティの3要素を列挙し、それぞれ説明できる。学内ネットワークにおいて情報セキュリティを確保するための個人認証の方法について説明できる。一般的な情報倫理に配慮しつつ、学内クラウドサービスにパスワードを使ってログインできる。
2	森河（主）、野口、西田	基本ソフトにおけるデータの管理	OSの役割について説明できる。パソコンにおける管理者と一般ユーザの役割について対比できる。データ量の単位について説明できる。OS におけるファイルシステムの階層構造を分類し、管理することができる。デスクトップ画面においてファイルシステムを適切に操作できる。コンピュータとSociety 5.0の関係について説明できる。
3	西田（主）、森河、野口	ファイル操作と文字入力	日本語入力システムを適切に利用でき、タッチタイピングができる。標準テキストファイルについて説明できる。テキストエディタを用いて標準テキストファイルを編集できる。文字や画像のデジタル化のプロセスについて説明できる。
4	森河（主）、野口、西田	デジタル化と文字の表現	標準テキストファイルにおける符号化方式（ASCII、Unicode等）について述べるができる。コンピュータにおけるファイルシステムとパスについて説明することができる。Unix系OSのCUIを使って基本的なファイル操作を行うことができる。
5	森河（主）、野口、西田	インターネットの仕組みとデータに関する法律・法規	TCP/IP ネットワークの概略を説明し、自分のパソコンを学内ネットワークに接続できる。パソコンとLAN の疎通状態を判断できる。インターネットを通じてソフトウェアのセキュリティ更新プログラムを主体的に行うことができる。インターネットにおける構造化データと非構造化データの事例について説明できる。不正アクセス禁止法に関わる情報倫理と関連法規について述べるができる。
6	森河（主）、野口、西田	電子メールの仕組みと情報倫理	電子メールの送受信の仕組みとプロトコルについて説明できる。マナーに配慮したメーラの設定および電子メールの送受信を行う。ELSIに配慮しつつクラウドを利用する方法を事例を踏まえて述べるができる。マルウェアや不正アクセスによる情報漏洩の例とその対処方法を、情報技術と情報倫理、関連法規に基づいて具体的に説明できる。自分のパソコンにウイルス対策ソフトを導入し、保守できる。

回 数	担 当	テーマ	到達目標
7	森河（主）、野口、西田	WWWにおけるデータの取得の構造と個人情報保護	WWWの通信とWebブラウザ、およびHTMLファイルの構成の概略を説明できる。Webブラウザを用いてHTMLファイルをソースコードとして調べることができる。クラウドの仕組みとそこで提供されるAIを初めとする各種サービスにおける利便性と問題点を対比しつつ、ソーシャルメディアにおける個人データの取り扱いに関する法規(個人情報保護法、GDPR)について説明することができる。公開鍵暗号によるデータの保護について、その仕組みを説明できる。
8	西田（主）、森河	データサイエンスの概要と文書作成	ビッグデータ、IoT、AIなどICT（情報通信技術）の進展とその活用領域の広がりについて説明できる。データを起点とした見方と人間を起点とした見方を識別できる。AIで出来ることと出来ないこと、AI活用の負の側面について説明できる。定められた体裁の文書を作成することができる。適切な構成の論理的文章を書くことができる。著作権に配慮した適切な引用と参照を行うことができる。
9	西田（主）、森河	データサイエンスの倫理とプレゼンテーション	個人情報やプライバシーの保護、データの匿名化、オプトアウトや忘れられる権利など、倫理に配慮したデータの収集、加工、利用について説明できる。データのねつ造や改ざん、データにおける様々なバイアスの存在など、データサイエンスにまつわる倫理を説明できる。プレゼンテーションの重要性を理解した上で、スライド作成の原則に則った資料を作成できる。
10	西田（主）、森河	データの形式とその加工および可視化	データの形式とクレンジングに関する注意点を述べることができる。目的に応じたデータの可視化と不適切な図表表現について説明できる。表計算（スプレッドシート）ソフトを使ってデータの集計ができる。相対参照と絶対参照を使い分けことができる。グラフの作成とレイアウト変更ができる。表形式データ(CSV)をインポートし、その時系列分析を行うことができる。
11	野口（主）、森河	化学構造式の描画ツールの活用	生命科学研究におけるデータサイエンス活用事例や仮説検証サイクルについて説明できる。自分のノートパソコンのデータのバックアップ方法とソフトウェアのインストール方法を説明できる。化学構造式を描画するアプリケーションChemDrawをノートパソコンにインストールできる。オープンデータから化合物情報を検索し、化学構造式を描画できる。
12	野口（主）、森河	AIの活用に向けたコマンドラインによるファイル操作	AI技術の活用領域の広がりについて説明することができる。パソコンにおけるGUI環境とCUI環境の違いと共通点について、説明できる。ターミナル上でUnixコマンドを利用し、ファイルシステムに対する簡単な処理を行うことができる。CUIテキストエディタを使用することができ、また自身の利用に合わせたカスタマイズができる。
13	野口（主）、森河	データサイエンスを行うためのパッケージ管理システムの活用	スクレイピングなどのデータ収集方法について説明できる。専門的なUnixツール群を管理するパッケージ管理システムを自分のノートパソコンに導入し利用できる。パッケージ管理システムを用いて、生命科学研究やデータサイエンスに役立つツールをインストールできる。自身の利用しているシェルの設定ファイルを編集することができる。
14	野口（主）、森河	プログラミングによる実験データの解析	ターミナル上で、インタプリタ型言語(Python)によるプログラミングを体験する。 順接・分岐・反復からなるアルゴリズムを表したフローチャートを基にプログラミングをすることができる。 実験データをもとに、誤差棒を含む散布図を描画できる。

準備学習：この授業は、各回において最低20分間のオンライン学習が定められています。よって授業当日に配布するプリントは前日までにCodexにてアップロードするので、よく読んでおいて下さい。また授業前に自分のノートパソコンを十分に整備しておいて下さい。また課題の他に、授業で学んだことを定着させるためにアンケート形式の「授業の振り返り」をCodexで提示しているので、チャレンジして下さい。

授業形式：自分のノートパソコンを用いた実習と講義を併用します。また授業中における課題の遂行では、ディスカッションを含めたグループワーク形式をとります。また、事前のビデオ配信による反転学習を行うこともあります。

課題に対する : 課題レポートは主に本学のオンライン学習システム Codex にてフィードバックします。
フィードバックの方法
(試験やレポート等)

評 価 方 法 : 期末試験は行わず、随時出される課題の提出やオンライン学習の成績(約60%)、授業中における課題の取り組み(約40%)等によって評価を行います。

教 科 書 : 井上英史 監修、森河良太、西田洋平、野口瑤 著、『基礎講義 情報科学 〜デジタル時代の新リテラシーを身につける〜』、東京化学同人、2024年、ISBN:978-4-8079-2059-4。加えて Codex にて、授業内容に関する資料も配布します。

参 考 書 : パソコンおよびインターネットの使い方に関する参考書は数多くあるので、まずは自分の目で確かめながら書店で探すことをお勧めします。

その他特記事項 : 第1回目の講義は、4月3日(水)のオリエンテーション時間に4301講義室にて行います。組分けが通常と異なるので注意して下さい。授業では「ノートパソコン (MacBook)」と「電源アダプタ」を必ず持参して下さい。有線LAN に接続するための「LAN ケーブル」と「LAN アダプタ」は授業中に貸し出せますが、自分で持っている人は是非持参して下さい。

情報科学 II Computer Science II

Grade	1	前期・後期	後期	単 位	1	科目分類	分子 応用 医科	選択総合（教職必須）
主担当教員	森河 良太			GPA	対 象			
担当教員	野口 瑤							
コンピテンシー	実行・課題解決・批判的思考・論理的思考							
履修前提								

ねらい

受講者は自分の所有するUnix系OSを搭載したノートパソコンを教材として毎回持参し、学内LANに接続できる講義室において実習の要素を取り入れた授業を受けます。そしてコンピュータが生命科学において果たす役割をデータサイエンスの知見に基づいて理解し、生物情報科学系の大規模なデータ分析に活用できる力を身に付けます。そのために例題実習を通してインタプリタ言語であるPythonを用いたプログラミングの基礎を学び、ターミナルによるコマンド操作に慣れ、計算科学のためのアルゴリズムの基礎を修得します。この授業で扱う内容を習得することで、現在急速に発達しているコンピュータサイエンスを生命科学の研究に役立てるための方法論と技術についての基礎的なスキルを身に付けます。

一般目標

生命科学の研究においてコンピュータの果たす役割とその基盤となる理論（アルゴリズム）を理解する。生命科学の研究におけるプログラミングの基礎概念を理解し、修得する。
実験データの統計解析やシミュレーションを行うための、データサイエンスに基づくコンピュータの活用方法を修得する。

授業内容

回 数	担 当	テーマ	到達目標
1	森河	ガイダンス：ターミナルの活用とviエディタ	Unix系CUIコマンドによる基本的なファイル操作ができる。viエディタの基本的な操作ができる。自分のパソコンのシェル環境を整え、Pythonを正しく起動できる。
2	森河	Python入門：対話モードとコーディング	機械語とプログラミング言語の関係、コンパイラとインタプリタの違いを説明できる。Pythonを対話モードで利用できる。エディタをPythonのソースコードを記述し、スクリプトとして実行できる。ファイルのアクセス権限について理解できる。
3	森河	Python入門：プログラムの基本構造	Pythonにおけるオブジェクトとクラスの概念を述べることができる。プログラミングにおける順接、反復、条件分岐について説明できる。論理和や論理積のような論理演算について述べることができる。処理の入れ子構造(ネスト)に応じた適切なプログラムを書ける。自然言語によって書かれたアルゴリズムを、Pythonを用いてプログラムに変換することができる。
4	森河	Python入門：ライブラリとデータの可視化	Pythonにおける関数の定義と外部ライブラリの利用方法について説明できる。数値計算ライブラリNumPyをインポートして四則演算を行うことができる。グラフ描画ライブラリmatplotlib.pyplotを使って折れ線グラフ、散点図、棒グラフを描ける。データ解析ライブラリpandasを使ってcsvファイルをプログラムに取り込み、データを集計できる。
5	森河	Python演習：配列の扱いとデータの入出力	Pythonにおけるリスト、タプル、辞書の概念について説明できる。NumPyにおける多次元配列データ構造ndarrayを説明し、使うことができる。数学関数のグラフをNumPyを使って描画できる。Pythonで計算したデータをテキストファイルに出力・入力することができる。
6	森河	Python演習：while文と方程式の数値的解法	elseやbreak、continueをwhile文の中で実装することができる。台形公式やシンプソン則、モンテカルロ法に基づいて関数の積分値を数値的に求める方法について説明でき、Pythonで実装できる。二分法とニュートン・ラプソン法を使って方程式の数値解を求めることができる。

回数	担当	テーマ	到達目標
7	森河	Python応用：差分方程式による微分方程式の解法	自然現象の定量的な解析において、微分方程式で記述することの重要性を認識する。生物の個体数の増加と指数関数、ロジスティック関数の関係について説明できる。人口増加の時系列データから、人間の知的活動を起点としたものの見方について認識する。1階常微分方程式の最も基本的な差分法であるオイラー法およびルンゲ・クッタ法について説明することができる。
8	森河	Python応用：if文とfor文を用いた配列の操作と行列計算	ndarrayを使ったベクトルと行列の演算子や関数について述べることができる。if文とfor文を使った行列式、小行列式、余因子、逆行列の計算アルゴリズムについて説明できる。再帰関数の意味と使い方について説明できる。連立方程式の計算方法について説明し、そのプログラムをPythonで作成できる。
9	森河	Python応用：実験データの処理と最小二乗法	実験やシミュレーションにおける数値誤差について説明できる。NumPyモジュールを使って1次データとしての実験データのばらつきや代表値、最小二乗法に関する統計処理ができる。実験データをPythonを使って誤差棒付きの散布図として表示できる。最小二乗法の原理を説明し、それを使って実験データを関数で表された曲線に近似できる。
10	野口	機械学習入門: 教師あり学習と教師なし学習	人工知能の歴史、人工知能を利用した社会変革、人工知能の抱える問題について説明することができる。AIとビッグデータの関係、特化型AIと汎用型AIについて説明することができる。AIの最新技術の活用例（自然言語処置や画像認識）や仮説検証サイクルについて説明することができる。教師あり学習(回帰・分類)と教師なし学習(次元削減・クラスタリング)の違いについて説明することができる。モデル選択にまつわる精度と過学習、汎化性能について説明できる。
11	野口	教師なし学習: 次元削減	教師なし学習の1つである次元削減について説明することができる。量的変数と質的変数の違いについて説明できる。データの集計と標準化、正規化について説明できる。散布図や散布図行列など特微量間の関係を可視化する適切な軸の洗い出しができる。主成分分析を用いて、画像データを処理し特徴を取得することができる。Pythonのライブラリーの1つであるscikit-learnを用いて主成分分析を行うプログラムを作成し、実際にデータを解析することができる。多変量のビッグデータを可視化することができる。
12	野口	教師なし学習: クラスタリング	教師なし学習の1つである非階層型・階層型クラスタリングについて説明することができる。デンドログラムについて説明できる。Pythonのライブラリーの1つであるscikit-learnを用いてクラスタリングを行うプログラムを作成することができる。k-meansクラスタリングのアルゴリズムを理解し、プログラムを実装、実際にデータをクラスタリングすることができる。
13	野口	教師あり学習: 分類	教師あり学習の1つである分類について説明することができる。学習データと検証データの必要性を説明できる。ダミー変数への変換について説明できる。決定木、ランダムフォレスト、SVMなど複数のモデルを作成できる。混同行列を用いて計算した4つの指標から、分類モデルの予測精度について説明することができる。ホールアウト法や層化k分割交差検証を用いて汎用性の高いモデルを選択することができる。
14	野口	教師あり学習: 線形回帰	Pythonでクラスを定義することができる。線形回帰である最小二乗法とRidge回帰、Lasso回帰の違いについて説明することができる。変数選択について説明することができる。Pythonのライブラリーの1つであるscikit-learnを用いて回帰を行うプログラムを作成することができる。Ridge回帰のアルゴリズムを理解し、プログラムを実装することができる。

準備学習：この授業は、各回において最低20分程度のオンラインによる予習が定められています。よって授業当日（予習・復習等）に配布するプリントは、前日までにCodexにてアップロードするので、よく読んでおいて下さい。また授業前に自分のノートパソコンを十分に整備しておいて下さい。また課題の他に、授業で学んだことを定着させるためにアンケート形式の「授業の振り返り」をCodexで提示するので、復習としてチャレンジして下さい。

授 業 形 式 : 自分のノートパソコンを用いた実習と講義を併用します。また授業中における課題の遂行では、ディスカッションを含めたグループワーク形式をとります。また、事前のビデオ配信による反転学習を行う回もあります。

課題に対する
フィードバックの方法
(試験やレポート等) : 課題レポートは主に大学のオンライン学習システム Codex にてフィードバックします。

評 価 方 法 : 期末試験は行わず、随時出される課題の提出やオンライン学習の成績(約70%)、授業中における課題の取り組み(約30%)等によって評価を行います。

教 科 書 : 井上英史 監修、森河良太、西田洋平、野口瑤 著、『基礎講義 情報科学 〜デジタル時代の新リテラシーを身につける〜』、東京化学同人、2024年、ISBN:978-4-8079-2059-4。加えて Codex にて、授業内容に関する資料も配布します。

参 考 書 : 『新・明解Python入門』、柴田望洋著、SBクリエイティブ
『Pythonではじめる機械学習』、Andreas C. Muller著、オライリージャパン

その他特記事項 : 毎回、「ノートパソコン (MacBook)」と「電源アダプタ」を必ず持参して下さい。Windowsを搭載したノートパソコンの場合は、「情報科学 I」でインストールしたWSL (Linux用Windowsサブシステム) の動作を確認しておいて下さい。また有線LAN に接続するための「LAN ケーブル」と「LAN アダプタ」は授業中に貸し出しますが、自分で持っている場合は持参して下さい。なお本授業は「情報科学 I」で学んだ知識や経験を前提として行います。

生命科学IV(基礎情報学) Fundamental Informatics

Grade	2	前期・後期	後期	単 位	1	科目分類	分子 応用 医科	選択専門
担当教員	西田 洋平			GPA	対 象			
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							
履修前提								

ねらい

最先端のAIやロボットにみられるような機械の「人間化」の一方で、臓器移植や人工授精技術の普及、ゲノム編集やブレイン・マシン・インターフェースの登場など、生命や人間の「機械化」もまた進みつつあるのが現代という時代である。近い将来、AIを中心としたテクノロジーが人間を凌駕し、これまでとは根本的に異なる世界が出現するという話もある。

しかし、そうした話に根拠を与えている技術や理論のほとんどは、生命や人間に対する非常に強力だがひどく単純な見方に基づいている。この問題の中心にあるのは「情報」という概念である。

そもそも情報とは何だろうか。情報の意味はコンピュータで適切に扱えるのか。情報と関わる生物や人間、そして機械は同等な存在か。もし異なるなら、それはどのように異なるのか。我々の世界と動物の世界、あるいはAIの世界は同じか。現実とはいったい何か。

こうした根本的な問いと向き合うのは容易ではないが、幸いにしてすでに多くの人々が多様な分野からアプローチしている。生命科学やコンピュータ科学はもちろんのこと、システム論や記号論、記号学といった領域から、社会や倫理、自己や他者といったテーマにまでそれは続いている。この授業では、それらを横断的に眺めながら、情報現象と生命現象の根本を探る。

一般目標

現代情報社会の背後にある我々自身に関する存在論的問題を理解する。
最先端のテクノロジーを生命的、人間的、情動的観点から評価する。
近未来のテクノロジーや社会に対し、自らの思考で向き合う態度を身につける。

授業内容

回 数	テーマ	到達目標
1	われわれは機械か：シングularityの世界観	AIやロボットなど最先端のICTとその活用領域について調べられる。 いろいろなテクノロジーの特徴を指摘できる。 AIやロボットのような機械と人間・生物の違いについて討議できる。 サイバネティクスという学問の概要を説明できる。 フィードバック機構のインパクトを説明できる。
2	メッセージは伝達できるか：情報通信＝コミュニケーション理論	量としての情報概念とシャノン&ウィーバーの情報伝達(通信)モデルについて説明できる。 シャノン&ウィーバーの情報伝達(通信)モデルの問題点を指摘できる。 自己言及のパラドックスについて討議できる。 メッセージ、コード、コンテキストについて説明できる。 メタレベルの問題を判断することができる。
3	解釈者としての生命：デオキシリボ核酸 vs 遺伝情報	AIの歴史をふまえて汎用AIの可能性について討議できる。 フレーム問題を手がかりに情報の意味と生命の関係について推論できる。 記号学と記号論の概要を説明できる。 ユクスキュルの環世界論について説明できる。 機械的な情報処理と生命的・身体的な情報解釈の違いについて指摘できる。
4	自律性と他律性：フォン・フェルスターのセカンド・オーダー・サイバネティクス	トリビアル・マシンとノン・トリビアル・マシンの違いを指摘できる。 フェルスターの言う自律性の形式を説明できる。 自律性の形式を具体的な対象の考察に応用できる。 問題を自分自身へと適用できる。
5	生命とは何か：マトウラーナ&ヴァレラのオートポイエーシス論	オートポイエーシスという概念について説明できる。 機械と人間・生物の違いを一般化して述べることができる。 ロボットとクローン人間の違いについて討議できる。
6	構成される現実：グレーザーズフェルドのラディカル構成主義	認知の問題に対するアプローチ方法を討議できる。 ピアジェの発生的認識論について説明できる。 現実構成主義について説明できる。 現実、知識、真理に関する問題を指摘できる。

回 数	テーマ	到達目標
7	情報とは何か：情報伝達というフィクション	ブルックスの情報の定義の特徴を指摘できる。 データとしての情報概念と生物・人間的な情報概念を識別できる。 HACS概念と情報伝達の関係について説明できる。 これからのAIと人間および社会の関係性について討議できる。

準 備 学 習：授業開始時までに事前配布資料を読み、自分の考えをまとめておくこと。授業後はディスカッションを(予習・復習等) 振り返り、次の授業に備えること。

授 業 形 式：ディスカッションを中心とするグループワークを軸とし、適宜、講義やプレゼンテーションを交える。

課題に対する：提出物は授業の中で解説、講評を行う。

フィードバックの方法
(試験やレポート等)

評 価 方 法：授業内での質問・発言・グループワークへの取り組み(40%)と各回の課題(60%)によって評価する。

教 科 書：指定しない。

参 考 書：西田洋平著、『人間非機械論：サイバネティクスが開く未来』，講談社，2023，ISBN:978-4065317785
ウンベルト・マトゥラーナ，フランシスコ・バレーラ著、『知恵の樹』，筑摩書房，1997，ISBN:978-4480083890
西垣通著、『生命と機械をつなぐ知：基礎情報学入門』，高陵社書店，2012，ISBN:978-4771109957
西垣通著、『新基礎情報学：機械をこえる生命』，NTT出版，2021，ISBN:978-4757103993
ユクスキュル，クリサート著、『生物から見た世界』，岩波書店，2005，ISBN:978-4003394311
池上嘉彦著、『記号論への招待』，岩波書店，1984，ISBN:978-4004202585

情報科学III Computer Science III

Grade	2	前期・後期	前期	単 位	1	科目分類	分子 応用 医科	選択総合
主担当教員	土方 敦司			GPA	対 象			
コンピテンシー	実行・情報収集							
履修前提								

ねらい

AI（人工知能）の活用が社会に広まっている。現在、大規模な言語モデルや深層学習などの機械学習手法がAIの主流となり、これらは生命科学の研究においても不可欠な技術となっている。この講義では、人工ニューラルネットワークや多層パーセプトロンなどの基本要素に焦点を当て、プログラミングとその実行を通してAIの動作原理を理解し、その限界について深く学びながら、実践的な能力を養う。

一般目標

人工ニューラルネットワークおよび多層パーセプトロンを、Pythonプログラミングを用いて実装することができる。実際にプログラムを実行し、その動作を確認することで、機械学習の原理とその限界について学ぶ。

授業内容

回 数	担 当	テーマ	到達目標
1	土方	イントロダクション	ビッグデータを用いたAI（人工知能）の最新技術や、データサイエンスが社会生活および生命科学にどのように活用されているかを説明できる。自身のPC上に機械学習を実行する環境を構築することができる。
2	土方	人工ニューラルネットワークの構造（1）	人工ニューラルネットワークの構造とその仕組みについて説明することができる。Pythonのクラスと関数を用いて、単純パーセプトロンを実装できる。
3	土方	人工ニューラルネットワークの構造（2）	Pythonを用いて、様々なベクトル、行列およびテンソルの演算ができる。また、様々な活性化関数について、それぞれの特徴を説明し実装できる。
4	土方	人工ニューラルネットワークの学習（1）	損失関数および勾配について説明できる。損失関数を最適化するための手法である確率的勾配法のアルゴリズムについて説明できる。
5	土方	人工ニューラルネットワークの学習（2）	データを学習データ・検証データ・テストデータに分けることができる。誤差逆伝播法について説明することができる。誤差逆伝播法によって人工ニューラルネットワークを学習させるプログラムの実装ができる。
6	土方	機械学習の実践	畳み込みニューラルネットワークなどの深層学習の手法やデータの埋め込み表現（エンベディング）について説明できる。画像データなどの非構造化データに対して、人工ニューラルネットワークを適用し、画像判別タスクなどを実行することができる。
7	土方	まとめ	これまでに学習したことを踏まえて、人工ニューラルネットワークを使った機械学習の予測精度について評価し、その課題点を見い出すことができる。さらに精度の高いAIを作るにはどうすればよいか考察できる。

準 備 学 習：講義前日までにCodex上で配布するテキストをあらかじめ読んでおくこと（予習30分程度）。提出課題（予習・復習等）は、期限内に提出すること。

授 業 形 式：講義および自身のノートPCを用いた実習を行う。

課題に対するフィードバックの方法（試験やレポート等）：課題レポートは、主にCodex上でフィードバックする。

評 価 方 法：期末テストは行わない。提出された各課題の内容（70%）および授業中の取り組み態度（30%）によって評価する。

教科書：特に定めない。Codex上で配布したテキストを用いて講義および実習を行う。

参考書：「ディープラーニングAIはどのように学習し、推論しているのか」、立山秀利著（日経BP）
「ゼロから作るDeep Learning」、斎藤康毅著（オライリー・ジャパン）
「PyTorch実践入門 ディープラーニングの基礎から実装へ」Eli Stevens, Luca Antiga, Thomas Viehmann著、後藤勇輝、小川雄太郎、櫻井亮佑、大串和正訳（マイナビ出版）
「バイオインフォマティクス入門 第2版」日本バイオインフォマティクス学会 編（慶應義塾大学出版会）

その他特記事項：キーボード操作に十分慣れておくこと。履修前提とはしていないが、数学II、情報科学IIで扱う内容について理解しておくことが望ましい。

ICT活用の理論と実践 Theory of ICT Utilization

Grade	1	前期・後期	後期	単 位	1	科目分類	分子 応用 医科	選択総合（教職必須）
主担当教員	森河 良太			GPA	対象外			
担当教員	大塩 立華							
コンピテンシー	計画・実行・コミュニケーション・周囲への働きかけ・情報収集・課題発見・課題解決・批判的思考・論理的思考・文章表現・プレゼンテーション・ディスカッション							
履修前提								

ねらい

昨今のICT技術の進歩には目を見張るものがあり、私たちの生活を豊かにしている反面、ICT技術に対する基本的な理解が社会全体において欠如しているため、ICTが創り出すメディアと人との間に様々な問題が生じている。学校教育におけるICTの活用についても同様であり、社会の流行に飲み込まれるだけの技術導入と実装が散見される。

本授業では「もし自分が学校のICT環境を1から構築できる立場にあったら」という想定課題に対し、自分がどのようにアプローチできるかを主体的に検討・創造し、専門家任せのICT教育からの脱却をテーマとする。

一般目標

学校教育におけるICT（情報通信技術）の活用の意義と理論を理解しつつ、教育現場におけるLANやそれに接続されるICTメディアの仕組みとそれらの管理・運用について修得することを目標とする。またICTを効果的に活用した学習指導や校務の推進の在り方について理解し、児童及び生徒に情報活用能力と情報モラルを育成するための基礎的な指導法を身につける。さらにインターネットにおいて情報を伝える主役となっているWWWの仕組みを理解し、そのコンテンツを自分で作成できるようになる。

授業内容

回 数	担 当	テーマ	到達目標
1	森河	教育におけるICTと人間の関わり	最新のICTを学びの中で活用する意義と在り方について説明することができる。特別の支援を必要とする生徒に対するICTの活用の意義と留意点を述べるができる。Excelを使って与えられたCSVによる実験データのばらつきや代表値、最小二乗法に関する統計的処理を行い、グラフとして表現することができる。FTPクライアントを用いてファイルをサーバにアップロードできる。
2	大塩	ICTを活用した教材の作成と活用	ICTを活用したデジタル教材を作成することができる。デジタルツールやデジタル教材を効果的に活用した指導法について具体的に提案することができる。授業で活用するツールや教材の在り方について説明でき、評価できる。
3	大塩	情報活用能力の育成と指導法	各教科等で必要とされる情報活用能力を横断的に述べるができる。各教科におけるデジタルツールを用いた指導事例と、その活用において求められる情報活用能力について、具体例とともに説明することができる。学校教育におけるAIの活用や倫理的課題についてグループワークで議論を深めるとともに、AI活用の有用性や注意点について具体的な例とともに述べることができる。
4	森河	教育現場におけるLANとICT機器	教育現場におけるLANの運用とそれに接続するICT機器の活用について概略を説明することができる。WWWの通信とWebブラウザおよびHTMLの構成と概略を説明できる。HTMLの構造の大枠を理解し、指示に沿ってHTML文書を追加・修正できる。目的に応じたHTML文書を作成するために、HTMLの要素をタグを用いて記述できる。
5	森河	ICTを活用した校務の推進と遠隔授業	遠隔・オンライン教育の意義について述べることができ、それを使うことができる。統合型校務支援システムについて述べるができる。HTMLの文法を自動でチェックできるWebサイトを利用できる。オリジナルのWebサイトをHTMLに沿って作成できる。ツールを使って動画を作成し、WWWで公開できる。

回数	担当	テーマ	到達目標
6	森河	LMSを使った学習履歴の管理と学習評価	LMSを使った学習履歴の管理と操作について説明できる。LMSに蓄積された利用者の個人情報の存在を知り、教育情報セキュリティの重要性を述べることができる。WWWにおけるcssファイルの概要について述べるができる。cssファイルを作成し、HTMLファイルと連携して利用することができる。
7	大塩（主），森河	デジタル教材による学習指導	デジタル教材やICT機器を使った指導案をWWWで公開した動画を使って発表し、各発表の内容について相互評価、討論する。

準備学習：授業当日に配布するプリントは、前日までにCodexにてアップロードするので、よく読んでおいて下さい。（予習・復習等）
また授業前に自分のノートパソコンを十分に整備しておいて下さい。課題の他に、授業で学んだことを定着させるためにアンケート形式の「授業の振り返り」をCodexで提示しているので、チャレンジして下さい。

授業形式：自分のノートパソコンを用いた実習と講義を併用します。また授業中における課題の遂行と発表では、ディスカッションを含めたグループワーク形式をとります。

課題に対するフィードバックの方法（試験やレポート等）：課題レポートは主に大学のオンライン学習システム Codex にてフィードバックします。

評価方法：期末試験は行わず、随時出される小課題と最終課題の提出、およびグループ発表会の成績（約70%）、授業中における課題の取り組み（約30%）等によって評価を行います。

教科書：井上英史 監修、森河良太、西田洋平、野口瑠 著、『基礎講義 情報科学 ～デジタル時代の新リテラシーを身につける～』、東京化学同人、2024年、ISBN:978-4-8079-2059-4。加えて Codex にて、授業内容に関する資料も配布します。

参考書：1年前期必修科目「情報科学Ⅰ」で配布したプリント（PDFファイル）が参考になります。

その他特記事項：本科目は生命科学部の特別プログラム「データサイエンスプログラム」の認定証取得のための選択必修科目の一つとなります。中学校・高等学校の教育現場では、ICTを幅広く使いこなし、なおかつ管理・運営する能力が一般企業以上に要求されるでしょう。この授業を通して、組織における実践的なICTの管理と運用についても学んで欲しいと思います。

分子生命科学VI(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

グラフ理論、ブール代数などの応用数学の基礎を理解する。
確率分布、帰無仮説、有意水準などの統計学の基本概念を理解する。
情報理論、オートマトン、言語理論などの情報科学の諸概念を理解する。
上記に基づいて、配列解析、構造解析、ネットワーク解析、機械学習などのバイオインフォマティクスの基礎を理解する。

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	ドットマトリックス法を活用できる。アミノ酸の類似性を変異頻度の観点から説明できる。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。
2	進化系統解析	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。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①	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。仮説検定の手法を用いてアライメントの有意性を説明できる。
4	配列解析の統計学②、タンパク質の立体構造	Karlin-Altschul統計に基づいて、アライメントのP値やE値を評価できる。Avogadroでペプチド構造を構築し配座異性体や鏡像異性体を判別できる。ラマチャンドラプロットを読むことができる。立体構造のRMSDを計算できる。
5	ネットワーク解析、機械学習	ブール代数に基づいてラクトースオペロンを解析できる。ベイジアンネットワークや微分方程式系との違いを説明できる。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）とニューラルネットワークの概要を説明できる。
6	オートマトン、言語理論	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、セルオートマトンとの違いを説明できる。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相互変換できる。
7	まとめ、小テスト	時間計算量が $O(n)$ 、 $O(n^2)$ 、 $O(\log n)$ となる代表的なアルゴリズム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(第2版)」、慶應義塾大学出版会、2021、ISBN:9784766427912

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。

数学Ⅰ

Mathematics I

Grade	1	前期・後期	前期	単 位	2	科目分類	分子 応用 医科	必修専門
担当教員	小島 正樹			GPA	対 象			
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・ディスカッション							
履修前提								

ねらい

本科目では、線形代数と微分積分の基本事項を取り扱う。前半では、線形代数の基本概念であるベクトル、行列、行列式を学び、多変数をまとめて扱うための道具立てを準備する。後半は、入力と出力の立場から関数概念を見直し、高校までに学んだ初等関数の解析手段として微積分法を取り上げる。これらは全て、データサイエンスや統計分析の基礎となる内容であり、政府の「AI戦略2019」における「数理・データサイエンス・AI教育（MDASH）」のモデルカリキュラムのうち、「リテラシーレベル」のスキルセットに相当する。

一般目標

ベクトル、行列、行列式など線形代数の諸概念を用いて、多変数をまとめて扱うことができる。
置換を順列（要素の並べ替え）および写像（集合間の対応関係）の双方に基づいて理解する。
微分を微小変化量の比例関係として理解する。
初等関数の微分が自在に計算できるようにする。
高校数学では天下りまたは証明なしで学習した内容を、理由を裏付けて理解する。
コンピュータを用いて、数学の計算を行う。

授業内容

回 数	テーマ	到達目標
1	数学ガイダンス、行列の定義	数学の学習計画を自力で立てられる。行列を定義する基本用語(行、列、成分、型など)が説明できる。行列の相等が計算できる。
2	行列の演算（加法・スカラー倍・乗法）	行列の加法、スカラー倍、乗法の計算ができる。
3	行列補足（乗法と型）、正方行列	行列の型から乗法が可能な場合を説明できる。正方行列の単位行列と逆行列を定義に基づいて計算できる。
4	行列式①、置換①	連立方程式の解の公式と行列式の関係について説明できる。置換を集合間の対応関係としてベン図で図示したうえで表記できる。
5	置換②	種々の置換(互換、巡回置換、恒等置換)を区別して表すことができる。置換の積と逆置換を表記法に基づいて表すことができる。
6	置換③、行列式②	与えられた置換を互換の積で表すことができる。n次の置換の総数を順列を用いて数え上げることができる。置換を用いて行列式の定義を説明できる。
7	行列式③、ルービックキューブの数理	2次や3次の行列式、対角行列の行列式を計算できる。ルービックキューブの数理を置換の立場から説明できる。
8	復習1、指数と二項定理	転置行列や跡が計算でき、行列を区分け表示できる。負の指数や有理指数を指数法則に基づいて定義できる。組合せ論の立場から二項定理を証明できる。
9	復習2、対数	行列の積をシグマ記号を用いて表すことができる。指数法則と対数の定義に基づいて対数法則と底の変換公式を証明できる。
10	復習3、三角関数とその極限	行列式の諸性質（転置不変性、交代性、多重線形性）を定義から証明できる。弧度法の定義を弧長から説明できる。加法定理から倍角・半角公式や和と積の変換公式が導出できる。はさみうちの原理を用いて三角関数の極限を計算できる。
11	微分法①、固有値と固有ベクトル	導関数の定義に基づいて、微分法の計算規則(積の微分法や合成関数の微分法など)と公式(指数、対数、三角関数の導関数)を証明できる。行列の固有値と固有ベクトルが計算できる。

回 数	テーマ	到達目標
12	微分法②、行列の対角化	微分法の計算規則や公式を用いて、与えられた関数の導関数が計算できる。 固有ベクトルを用いて行列を対角化できる。
13	まとめ、Pythonによる数学	Pythonを用いてベクトルや行列を実装し、逆行列、行列式、固有値をコンピュータで計算できる。

準備学習：前半の授業（線形代数）では、教科書の問題のうち、授業で取り上げた問題の類題や、独力で解けると
(予習・復習等) 思われる問題は、復習用の演習課題とする。
後半の授業（微分積分）では、プリントをCodexにアップロードするので、高校数学に不安のある人は、十分に学習すること。

授業形式：線形代数は、反転授業形式。ビデオの補足解説や関連する問題の演習を行う。微分積分は、板書による
解説、プリントでの作業、授業内演習を併用する。いずれの授業でも、演習はグループワークで問題を
解き、代表者が黒板で解説のプレゼンテーションを行う。なおビデオ・プリントのアップロードや課題
に関する連絡はCodexで行う。

課題に対する
フィードバックの方法
(試験やレポート等)：Python演習のプロダクトをJupyter Notebookファイルで提出する。また質問が多かったり、解説が必要
と思われる問題については、事後の授業で解説する。期末試験の正解はCodexに掲示する。

評価方法：平常点（課題と毎回の小テスト）20%と学期末試験80%を総合したうえで、授業への参加度を加味して
評価する。

教科書：小島正樹著、「化学・生命科学のための線形代数」、東京化学同人、2012、ISBN:978-4-8079-0797-7

参考書：「根底から理解する微分積分学入門」片野修一郎著（ムイスリ出版）
「チャート式線形代数」加藤文元監修（数研出版）

生物統計学

Bio Statistics

Grade	2	前期・後期	前期	単 位	2	科目 目分 類	分子	必修専門	
主担当教員	野口 航			GPA	対 象		応用		
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		
履修前提									

ねらい

生命科学の実習やデータ発表を行うときに、統計学的な解析が必要となることが多い。統計解析ソフトウェアも手軽に利用できるようになっている。しかし、間違った解析手法を行う例も多い。本講義では、生命科学に必要な基礎的な統計用語と手法を理解することを目指す。

一般目標

まず、生物統計学の基礎である基本統計量や確率について知る。次に統計的解析の基礎である推定と検定について知る。それらの知識を踏まえて、統計的検定の基礎的な手法を修得する。

授業内容

回 数	テーマ	到達目標
1	はじめに：統計学を学ぶ意義とデータに関する法規や倫理	統計学を学ぶ意義を説明できる。統計データに関する基礎的な法規や倫理について説明できる。
2	基本統計量とヒストグラム	平均や分散などの基本統計量の用語やヒストグラムを説明できる。外れ値の表し方や扱い方など簡単なデータの前処理方法について説明できる。
3	確率の基礎	確率の基礎を説明でき、簡単な問題を計算できる。
4	確率分布	推定や検定の基礎となるさまざまな確率分布を説明できる。
5	母集団と標本	推定や検定の基礎となる母集団と標本の違いについて説明できる。ランダム化比較試験などのデータ収集法についても説明できる。
6	推定	点推定と区間推定の基礎を説明できる。
7	前半のまとめと中間試験	前半の講義内容を説明でき、簡単な問題を解くことができる。
8	平均値の検定	帰無仮説など検定の考え方の基礎、検定の基本であるスチューデントのt検定を説明できる。
9	算的データの検定	分割表の検定である χ^2 検定を説明できる。
10	分散分析1（一元の分散分析）	検定の基本となる一元配置の分散分析を説明できる。
11	分散分析2（応用）	二元分散分析と実験計画法を説明できる。
12	相関と回帰	関連する二変量の関係を調べる相関と回帰を説明できる。重回帰解析やクラスター解析などの多変量解析の基礎的な知識を説明できる。
13	ノンパラメトリック検定	U検定などノンパラメトリック検定の基礎を説明できる。

準 備 学 習：予習：講義前にCodexにアップロードされた資料や参考書で何を学ぶのかを確認する。
(予習・復習等) 復習：講義後に配布資料の書き込んだ部分を中心に復習する。

授 業 形 式：講義

課題に対する：授業内での課題や中間試験の内容については、講義中に解説をする。
フィードバックの方法
(試験やレポート等)

評 価 方 法：授業内での課題（20%）、理解度をみる中間試験（20%）、学期末試験（60%）で評価する。

教 科 書：特に定めない。授業中に配布する資料（Codexにもアップロードする）を用いて、講義を行う。

参 考 書 : 「生物系のためのやさしい基礎統計学」藤川浩・小泉和之著 講談社、「薬学のための統計教科書」小島正樹著 東京図書、「統計学入門」 東京大学教養学部統計学教室編 東京大学出版会、「バイオサイエンスの統計学」 市原清志著 南江堂、「確率・統計のしくみがわかる本」長谷川勝也著 技術評論社、「マンガでわかる統計学」 大上丈彦著 SBクリエイティブ、「マンガでわかる統計学」 高橋信著 オーム社

その他特記事項 : 将来、みなさんがどんな分野に進むにしろ、統計とは縁があります。この講義で、将来の足がかりをつけられれば良いと思います。またこの講義は統計検定2級くらいのレベルです。もし興味があれば、受講後に統計検定2級を受験してみてください。

数学Ⅱ Mathematics II

Grade	1	前期・後期	後期	単 位	2	科目分類	分子 応用 医科	選択専門
担当教員	小島 正樹			GPA	対 象			
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・ディスカッション							
履修前提								

ねらい

前期に学んだ数学Ⅰの内容を前提として、AI時代のデータサイエンスに必要な数理的基礎を学ぶ。前半は微分積分、後半は線形代数に関して、より高度な内容を取り扱う。冪級数や線形空間など抽象的な概念を学ぶとともに、証明とその背景にある論理的思考を重視する。本科目の授業内容は、政府の「AI戦略2019」における「数理・データサイエンス・AI教育（MDASH）」のモデルカリキュラムのうち、「応用基礎レベル」のスキルセットに相当する。

一般目標

積分を微小要素の総和として理解する。
初等関数の積分が自在に計算できる。
関数を冪級数で表すことができる。
簡単な微分方程式の理論と解法に習熟する。
線形写像(線形変換)をベクトルどうしの比例関係と捉え、行列や行列式の意味を線形写像との関連で理解する。
コンピュータを用いて、数学の計算を行う。

授業内容

回 数	テーマ	到達目標
1	数学Ⅱ後半分野（関数と微分法）の復習	有理指数の冪を整数指数の冪と端数の積に変換できる。積・商の微分法や合成関数の微分法を用いて対数関数・分数関数・無理関数の導関数が計算できる。必要条件と十分条件を区別して証明できる。
2	積分法1	原始関数の定義に基づいて、積分法の計算規則（部分積分法、置換積分法）と公式（指数、三角関数の原始関数など）を証明できる。
3	積分法2	部分積分法や置換積分法を用いて、与えられた関数の原始関数を計算することができる。
4	積分法2（続き）	定積分として、面積、体積、曲線の長さを求めることができる。
5	積分法3	部分積分法や置換積分法の定積分を解くことができる。与えられた分数関数を真分数関数を用いて表すことができる。
6	積分法3（続き）	種々の真分数関数を部分分数分解して、その原始関数を計算できる。
7	微分方程式	微分方程式を階数、線形性、独立変数の数に基づいて分類できる。一般解、初期条件、特殊解の関係を説明できる。1階線形微分方程式を、変数分離法により解くことができる。1次の反応速度式を解いて特殊解と半減期を求めることができる。
8	微分方程式（続き）、復習1	特性方程式を用いて、2階線形微分方程式を解くことができる。単振動の運動方程式の一般解を求めることができる。
9	微分法3	逆関数の定義に基づいて逆三角関数の値を求められる。逆三角関数の導関数の公式に基づいて微積分の計算ができる。2階導関数を計算して、グラフの凹凸や極大・極小の判定ができる。多変数関数の偏導関数を計算できる。
10	テイラー展開、復習2	マクローリンの方法によりテイラーの公式を導出できる。テイラー公式を用いて、種々の関数を冪級数で表すことができる。オイラーの公式に基づいて、ド・モアブルの定理を説明できる。
11	線形空間、復習3	線形空間、線形結合、基底と成分、次元などの基本概念の意味を説明できる。あるベクトルが線形独立か線形従属かを判定できる。行列の階数を列ベクトルの線形独立性から求められる。

回 数	テーマ	到達目標
12	線形写像と線形変換、復習4	写像を集合論に基づいて説明できる。線形写像と線形変換を、線形性に基づいて説明できる。線形写像を表す行列を求めたり、像を図示することができる。
13	基底のとりかえ、Pythonによる数学	基底のとりかえによるベクトルの成分の変換則を導くことができる。線形変換の基底依存性を行列の積として表すことができる。Pythonを用いて種々の関数のグラフをコンピュータで表示できる。

準 備 学 習 : 前半の授業(微分積分)では、プリントをCodexにアップロードするので、高校数学に不安のある人は(予習・復習等)、十分に学習すること。

後半の授業(線形代数)では、教科書の問題のうち、授業で取り上げた問題の類題や、独力で解けると思われる問題は、復習用の演習課題とする。

授 業 形 式 : 微分積分は、板書による解説、プリントでの作業、授業内演習を併用する。線形代数は、反転授業形式。ビデオの補足解説や関連する問題の演習を行う。いずれの授業でも、演習はグループワークで問題を解き、代表者が黒板で解説のプレゼンテーションを行う。なおプリント・ビデオのアップロードや課題に関する連絡はCodexで行う。

課題に対するフィードバックの方法(試験やレポート等) : Python演習のプロダクトをJupyter Notebookファイルで提出する。また質問が多かったり、解説が必要と思われる問題については、事後の授業で解説する。期末試験の正解はCodexに掲示する。

評 価 方 法 : 平常点(課題と毎回の小テスト)20%と学期末試験80%を総合したうえで、授業への参加度を加味して評価する。

教 科 書 : 片野修一郎著、「根底から理解する微分積分学入門」、ムイスリ出版、2018、ISBN:978-4-89641-267-3

参 考 書 : 「化学・生命科学のための線形代数」小島正樹著(東京化学同人)
「チャート式微分積分」加藤文元監修(数研出版)

生命科学 V (計算機の論理とデータ構造)

Logic and Data Structures in Computer Science

Grade	3	前期・後期	前期	単 位	1	科目分類	分子	選択専門
主担当教員	高須 昌子			GPA	対 象		応用	
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	
履修前提								

ねらい

コンピュータの基礎となる論理や論理回路、データ構造、データベース、アルゴリズムなどについて学ぶ。またプログラミング言語であるC言語の実習も行う。卒業研究や大学院での研究、就職活動にどのようにプログラミングや情報の知識が役立つか紹介する。基本情報技術者などの情報系資格についても触れる。

一般目標

コンピュータの基礎となる、論理やデータ構造を理解する。

授業内容

回 数	担 当	テーマ	到達目標
1	高須	はじめに、実験系の研究に役立つプログラミング、就職活動と情報系資格、2進数	情報科学の基礎やプログラミングが、実験系の卒業研究や大学院での研究、就職活動にどのように役立つか説明できる。情報系資格について説明できる。2進数とは何か、なぜ2進数が必要かを説明できる。
2	高須	2進数の演算	2進数と10進数の変換を計算することができる。2進数の補数と引き算の計算を行うことができる。C言語のプログラムのコンパイルと実行ができる。
3	高須	符号化	符号化と復号化、パリティチェックについて説明できる。C言語の簡単なプログラムを書くことができる。
4	高須	情報量	情報量とエントロピーに関して、説明できる。C言語プログラミングにおいて、自分の弱点を説明できる。
5	高須	データ構造	データ構造、キュー、スタック、ツリー構造を説明できる。C言語の実行エラーメッセージの内容を説明できる。
6	高須	データベース	データベースの重要性や仕組みを説明できる。特にテーブル定義ER図、主キーと外部キー、リレーショナルデータベース、SQLなどについて説明できる。エラーメッセージに沿ってプログラムを修正できる。
7	高須	サーチとソート、まとめ	サーチとソートを説明できる。計算量のオーダーについて説明できる。学んだ情報科学の基礎概念を説明できる。C言語の分岐を説明できる。

準 備 学 習 : 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。webに掲載されたパワーポイントで復習できる。レポートで復習できる。

授 業 形 式 : パワーポイントを用いた講義、演習の時間がある。演習問題の解答を学生が前で発表する。

課題に対する
フィードバックの方法
(試験やレポート等) : 授業中またはcodexで適宜フィードバックする。

評 価 方 法 : 授業参加度 (約30%)、問題演習での貢献 (約20%)、レポート (約50%)

教 科 書 : 柴田望洋著、「新・明解C言語入門編 (第2版)」, ソフトバンククリエイティブ, 2021

参 考 書 : 石田保輝、宮崎修一著、「アルゴリズム図鑑」、翔泳社。
ジョン・マコーミック著、「世界でもっとも強力な9のアルゴリズム」、日経BP社。
岸良裕司、きしまゆこ著、「子どもの考える力をつける3つの秘密道具」、ナツメ社。

その他特記事項 : C言語実習は各自のペースで進めるので、情報系の選択科目が未履修の方も大丈夫です。既にC言語を使える人は発展問題によって、さらにレベルアップできます。

生命医科学 X (ゲノム情報医科学)

Genomic Information Medical Science

Grade	3	前期・後期	後期	単 位	1	科目 分類	分子	選択専門	
主担当教員	細道 一善			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 (学科指定)専門	
履修前提									

ねらい

ゲノム解析技術の進歩によってヒトの全ゲノム配列や身体の生理機能を含めた現象がデータ化され、その膨大なデータ（ビッグデータ）をSociety 5.0時代のヘルスケアとして医療に活かす試みが始まっている。治療が必要な人が適切なタイミングで必要な治療を受けられること、個人の遺伝的な疾患リスクを評価して生活習慣の改善や定期的な検診を促すことに繋がることが期待される。この講義ではSociety 5.0時代のヘルスケアについて知識を身につけるため、ゲノムデータ等の解析技術の知識を習得するとともに、データに基づいた疾患解析について学ぶ。

一般目標

次世代シーケンサー（NGS）を中心としたゲノム解析技術を知り、そこから得られるデータについての知識を身につける。疾患などの形質とゲノム多様性や遺伝子発現などの実験データとの関連を疾患データベースなどを用いて解析する流れを理解する。ヒトゲノム情報に基づく医療の実現について考察する。

授業内容

回 数	テーマ	到達目標
1	ヒトゲノムと多様性	ヒトゲノム計画についてその成果について説明できる。 ゲノムの個人の違いについて、特に疾患に関連した概要を説明できる。
2	ゲノム解析技術	ヒトゲノム解析のための様々な技術、特にNGSによる解析について説明できる。
3	遺伝性疾患	遺伝性疾患における遺伝要因と環境要因を理解し、疾患と集団遺伝学について説明できる。
4	遺伝性疾患の解析	NGSのデータから疾患原因を同定する解析手法を説明できる。
5	ヒト疾患データベース	疾患ゲノム研究から得られた様々なデータベースについて説明できる。
6	トランスクリプトーム解析 エピジェネティクス解析	トランスクリプトーム解析について理解し、転写異常による疾患について説明できる。エピジェネティクスによる転写制御とその異常による疾患について説明できる。
7	ゲノム医療	個人のゲノム情報に基づく医療について説明できる。その国内外の状況について説明できる。

準 備 学 習 : Codexを通じて講義で使用する資料を配布しますので、事前に内容に目を通してください。データ解析(予習・復習等) については教科書や参考書等で取り扱われていない内容も含みますので、予習ポイントについての情報も合わせて提供する予定です。理解度を確認するための課題または小テストを実施します。解答や解説はCodexを通じて配布しますので、復習に役立ててください。

授 業 形 式 : 講義形式

課題に対する : 課題についての解説をCodexを通じて配布します。
フィードバックの方法 (試験やレポート等)

評 価 方 法 : 講義態度(50%)と課題(50%)により評価する。

教 科 書 : なし。Codexを通じて講義資料を配布します。

参 考 書 : トンプソン&トンプソン遺伝医学 第2版、福嶋義光 監訳、メディカル・サイエンス・インターナショナル 新 遺伝医学やさしい系統講義19講、福嶋義光 監修、メディカル・サイエンス・インターナショナル

生命科学VI(応用統計学) Applied Statistics

Grade	2	前期・後期	後期	単 位	1	科目分類	分子 応用 医科	選択専門
担当教員	土方 敦司			GPA	対 象			
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							
履修前提								

ねらい

生命科学において、ゲノムやトランスクリプトームなどのオミクス技術を用いた実験データは、非常に多岐にわたり、多くの変数を含む複雑なものである。これらのビッグデータを効果的に処理するには、コンピュータを用いたデータ解析技術とその基本原理の理解が不可欠である。本講義では、統計解析ソフトウェアを活用し、様々な多変量データの取り扱い方と、それらを統計的に解析する手法を実践的に学ぶ。

一般目標

生命科学における様々な多変量データを理解し、統計解析ソフトウェアを駆使して、適切な解析手法を選択し、その結果を適切に解釈する能力を身につけることを目指す。

授業内容

回 数	担 当	テーマ	到達目標
1	土方	統計解析ソフトウェアの導入と基本コマンド	ソフトウェアを起動し、データの読み込みおよび書き出しを実行するためのコマンド、ならびに基本統計量の計算や適切なグラフを描画するためのコマンドについて説明することができる。
2	土方	単変量・二変量データの記述統計	単変量データの中心傾向とばらつきについて説明できる。ヒストグラムの描画や要約統計量を求めることができる。
3	土方	二変量データの記述統計と基本的な統計検定	二変量データの関係について、散布図、相関係数、回帰分析などの結果から説明できる。基本的な統計検定（パラメトリック、ノンパラメトリック）の結果を適切に解釈できる。また、検出力と効果量について説明できる。
4	土方	分散分析・多重比較	分散分析の基本的な理論について理解し、検定の多重性について説明できる。ソフトウェアを用いて、分散分析および多重比較を実行し、出力結果を正しく解釈することができる。
5	土方	主成分分析	主成分分析(PCA)の基本的な原理について説明できる。ソフトウェアを用いてPCAを実行し、多変量データの次元削減やパターン抽出、データの解釈を適切に行うことができる。
6	土方	クラスター分析	階層クラスタリング、k-means法などのクラスター分析の基本的な手法とその原理について説明できる。ソフトウェアを用いてデータを適切にクラスタリングすることができる。
7	土方	まとめ	これまでに学んだ統計的な知識を応用し、ソフトウェアを用いて、実験データなどに対して、統計解析、データの可視化および結果の解釈を適切に行うことができる。

準 備 学 習 : 講義前日までにCodex上で配布するテキストをあらかじめ読んでおくこと（予習30分程度）。提出課題（予習・復習等）は、期限内に提出すること。

授 業 形 式 : 講義および自身のノートPCを用いた実習を行う。

課題に対するフィードバックの方法（試験やレポート等） : 課題レポートは、主にCodex上でフィードバックする。

評 価 方 法 : 期末テストは行わない。授業の後に課す課題レポートの提出状況（70%）および授業中の取り組み態度（30%）によって評価する。

教 科 書 : 特に定めない。Codex上で配布したテキストを用いて講義および実習を行う。

参 考 書 : 「Rで楽しむ統計」奥村春彦 著 (共立出版)
「Rで学ぶ確率統計学 一変量統計編」神永正博・木下勉 著 (内田老鶴圃)
「Rで学ぶ確率統計学 多変量統計編」神永正博・木下勉 著 (内田老鶴圃)
「Rで学ぶ統計的データ解析」林賢一 著 (講談社)
「バイオインフォマティクス入門 第2版」日本バイオインフォマティクス学会 編 (慶應義塾大学出版会)

その他特記事項 : 「生物統計学」の内容を理解していることを前提としている。生物統計学の内容についてしっかりと復習しておくこと。

生命医科学IX(ゲノム医科学) Genome Medical Science

Grade	3	前期・後期	後期	単 位	1	科目分類	分子	選択専門
主担当教員	丸山 剛			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（学科指定）専門
履修前提								

ねらい

疾患の原因、特に遺伝子という誰にも共通した設計図の中に原因見出すことで、その診断法や治療法を作り出すことができます。ゲノム医科学は、遺伝学と疾患を扱う医学、さらにはそれを研究へと展開する生命科学を融合した領域となります。これを学ぶことで、疾患の原因を学び、どのような診断法や治療法が確立できるかを一緒に考えていくことが本講義の一つ目のねらいとなります。また、ゲノム医科学を対象とする研究は、私たちの体内で起こっていることを実証する実験的な限界や、難病の治療法を開発する技術的な限界にしばしば遭遇します。このような限界を克服するために、最近進捗が目覚ましいゲノム編集技術があります。本講座のもう一つのねらいは、ゲノム編集技術を理解するための細胞生物学と生化学の基礎知識を再確認し、それら知識を応用し、ゲノム編集技術や医療への応用例を理解する。さらにはより実践的な知識を習得することを狙いとしています。

一般目標

本講義を修了することで、受講生はゲノム医科学における知識、ゲノム編集に用いられる様々な技術に関する基礎知識を身につけ、ゲノム編集技術からどのような利点が見られるのか、なぜゲノム医科学に興味を持つのかを認識することができる。そして、これらの知識をもとに、各自が自分の考えを構築し、疾患の治療法やバイオテクノロジー分野への関心を高めることができることを目標とする。

授業内容

回 数	テーマ	到達目標
1	遺伝子疾患概要 ゲノム編集	遺伝子疾患について、ゲノム医科学的視点で説明できる。また、遺伝子疾患に対する治療法およびゲノム編集技術について説明できる。
2	DNA修復 ゲノム編集技術	DNA修復機構の基礎を説明できる。 ZFNやTALEN, CRISPRなどのゲノム編集技術について説明できる。
3	ガイド配列の設計方法①	ゲノム編集技術の一つであるCRISPR/Cas9のガイド配列を設計できる。
4	ガイド配列の設計方法②	設計したガイド配列のOff-target効果およびOn-target効率を評価できる。
5	ゲノム編集応用技術	ノックイン法について理解し、ノックイン効率の操作方法について説明できる。
6	バイオテクノロジーとゲノム編集	既存のバイオテクノロジーとゲノム編集の融合について最新の情報を理解する。また自身で関連論文を探索できる。
7	最新研究論文紹介	ゲノム医科学およびゲノム編集関連論文の紹介。レポート説明。

準備学習：講義で使用するパワーポイントのpdf版をCodexに毎回upします。また、初回講義を除き、基本的に毎回（予習・復習等）小テストを実施しますので、前回の講義内容の復習（1時間程度必要）を欠かさないようにして下さい。さらに、小テストの解答は次週の授業で解説します。各自出来なかったところをしっかりと復習（30分程度必要）して理解を深めて下さい。

授業形式：対面

課題に対する：毎回の小テストについて、その解答をCodexにupする。
フィードバックの方法
（試験やレポート等）

評価方法：小テスト形式のレポートの提出を出席（70%）とし、小テスト形式のレポートの採点（30%）と授業に取り組む姿勢（10%）を評価する。

教科書：なし

参 考 書 : ゲノム医学 (メディカル・サイエンス・インターナショナル)、ゲノム編集と医学・医療への応用 (裳華房)、ゲノム (メディカル・サイエンス・インターナショナル)、The Cell 細胞の分子生物学 (Newton Press)

その他特記事項 : 参考文献

Development and applications of CRISPR-Cas9 for genome engineering.

Hsu PD, Lander ES, Zhang F.

Cell. 2014 PMID: 24906146

Increasing the efficiency of precise genome editing with CRISPR-Cas9 by inhibition of nonhomologous end joining.

Maruyama T, and Ploegh HL.

Nat Biotechnol. 2015 PMID: 25798939

In vivo genome editing via CRISPR/Cas9 mediated homology-independent targeted integration.

Suzuki K, Tsunekawa Y, and Belmonte JC.

Nature. 2016 PMID: 27851729

Genome-wide CRISPR screen in a mouse model of tumor growth and metastasis.

Chen S, Sanjana NE, and Sharp PA.

Cell. 2015 PMID: 25748654
