

令和8年度 リカレント教育講座

オンライン開催
(ZOOMを使用)

生物統計とデータ解析

“実践的な生物統計解析の手法”を学ぶ！

近年の遺伝子の読み取り技術の飛躍的な進展は、医学、健康科学、食品生産、環境科学など様々な分野で、大きな発展をもたらしています。これらの膨大な遺伝子データを解析するためには、複雑な統計学的手法の理解が必須です。本講座では、遺伝情報に関わる実践的な統計学、およびその解析法を理解し、データリテラシーの向上を目指します。

対象	日程	
一般の方	2026年6月19日(金)～7月17日(金) 全15回	大学院生向け講義と同一授業です

講義日程

次世代シーケンサーデータの統計処理の基礎

講師 半田 佳宏 群馬大学客員教授 株式会社生物技研 取締役

6月19日(金)	12:40～14:10	第1回	次世代シーケンサーとその技術
	14:20～15:50	第2回	アンプリコン解析
	16:00～17:30	第3回	ゲノム解析とメタゲノム解析
6月26日(金)	12:40～14:10	第4回	リシーケンシングとエピジェネティクス解析
	14:20～15:50	第5回	ジェノタイピング解析
	16:00～17:30	第6回	RNAseq解析
7月 3日(金)	12:40～14:10	第7回	ISO-seq解析と生物情報学の学び方

具体的な解析手法の実例

講師 石井 俊一 群馬大学客員教授 国立研究開発法人海洋研究開発機構 主任研究員

7月 3日(金)	14:20～15:50	第8回	環境微生物と情報学
	16:00～17:30	第9回	メタゲノムによる微生物群集構造解析
7月10日(金)	12:40～14:10	第10回	メタゲノムからの培養を介さないゲノム抽出法
	14:20～15:50	第11回	MAGを用いた機能解析
	16:00～17:30	第12回	電気微生物と情報学
7月17日(金)	12:40～14:10	第13回	刺激応答型メタトランスクリプトーム解析
	14:20～15:50	第14回	比較ゲノミクス
	16:00～17:30	第15回	マルチメタオミックスの最新の動向

申込締切：6月14日(日)まで

受講料：9,000円

受講申し込みはこちら⇒

※電子メールでご連絡いたします

URL：<https://forms.gle/FdeCC4bqxNSsKcp77>



【お問合せ】

〒371-8510

群馬県前橋市荒牧町4-2

国立大学法人群馬大学

研究推進部産学連携推進課 荒牧センター事務室

☎：027-220-7449

✉：shokukenkou-c@ml.gunma-u.ac.jp



生物統計とデータ解析

講座概要

次世代シーケンサーの出現に伴い、遺伝子の読み取り技術が爆発的に進展しています。これらの技術は、医学、健康科学、食品生産、環境科学など様々なセクターで、大きな発展をもたらしています。一方で、膨大な遺伝子データを解析するためには、これに至適化された複雑な統計学的手法の理解が必須となります。本講座では、遺伝情報に関わる実践的な統計学を理解しデータリテラシーの向上を目指します。

前半7回の講義では、次世代シーケンサーから得られる生データの統計処理の基礎を学びます。

後半8回の講義では、応用研究を題材とし、具体的な解析法の実例を学びます。また、受講者が実際に解析の実習を通して、生物統計解析を体験します。本講座の受講を通して、受講者は、統計処理されたデータの意味が理解できるようになります。また、自身でも簡単な生データの統計処理ができるようになります。

実施責任者：食健康科学教育研究センター 粕谷健一

日程		講義内容	講師
第1日	6月19日(金)	12:40 ~ 14:10 【次世代シーケンサーとその技術】 DNA配列を大量に解読できる次世代シーケンサーの歴史や原理、特徴を各世代に分けて紹介します。	食健康科学教育研究センター 客員教授 半田佳宏
		14:20 ~ 15:50 【アンプリコン解析】 PCRで増幅されたDNA産物を次世代シーケンサーで網羅的に解読する原理を解説します。また、菌叢解析プラットフォームQiime2の使い方を学びます。	
		16:00 ~ 17:30 【ゲノム解析・メタゲノム解析】 生命の設計図であるゲノム配列の解読に向けて、研究方針の決め方とそのデータ解析の違いを紹介します。	
第2日	6月26日(金)	12:40 ~ 14:10 【リシーケンシングとエピジェネティクス解析】 塩基配列の違い(多型)の種類とその検出方法を解説します。合わせて修飾された塩基の解析法を紹介します。	
		14:20 ~ 15:50 【ジェノタイピング解析】 ジェノタイピング解析で行われるRADseq法やMIGseq法を紹介します。その解析パイプラインstacksの使用方法を通して、集団解析やQTL解析法を学びます。	
		16:00 ~ 17:30 【RNA-seq解析】 遺伝子発現解析の原理からデータ解析(マッピングやリードカウント、統計処理)まで紹介します。	

日程		講義内容	講師		
第3日	7月3日(金)	12:40 ~ 14:10	【ISO-seq解析と生物情報学の学び方】 ISOseq(網羅的な全長アイソフォームの検出)法の解析方法を解説します。	食健康科学教育研究センター 客員教授 半田佳宏	
		14:20 ~ 15:50	【環境微生物と情報学】 様々な地球環境中に生息する微生物叢に対し、それらのメタオミックス解析の概観を解説します。		食健康科学教育研究センター 客員教授 石井俊一
		16:00 ~ 17:30	【メタゲノムによる微生物群集構造解析】 メタゲノム解析においては、16S rRNAによらない新たな微生物群集構造解析手法が必要であるため、その各手法について説明します。		
第4日	7月10日(金)	12:40 ~ 14:10	【メタゲノムからの培養を介さないゲノム抽出法】 メタゲノムからは、構成微生物のゲノム(Metagenome-assembled genomes、MAGs)を抽出する事が可能です。本単元ではその手法を解説します。		
		14:20 ~ 15:50	【MAGを用いた機能解析】 前回に引き続き、MAGの解析方法について解説します。		
		16:00 ~ 17:30	【電気微生物と情報学】 データ解析を行うためには、解析者のバックグラウンド知識が重要となります。本単元では担当者の専門である電気微生物の基礎知識が、いかにデータ解析に有用となるか、について論じます。		
第5日	7月17日(金)	12:40 ~ 14:10	【刺激応答型メタトランスクリプトーム解析】 現在の潮流としてメタゲノム解析は各種ツールが揃いつつあるのに対し、微生物群集を対象としたmRNAseqの解析には困難が伴います。本単元では、その解析手法について解説します。		
		14:20 ~ 15:50	【比較ゲノミクス】 近年のMAG情報の爆発的増加で、培養を介すること無しでゲノム情報を得る事が出来るようになりました。そのような微生物の機能を、既存の情報との比較ゲノム解析によりあぶり出す手法を解説します。		
		16:00 ~ 17:30	【マルチメタオミックスの最新の動向】 ここまでのトピックのまとめとして、進捗の速い分野ではありますが、合成生物学やAIを用いた立体構造解析との融合など、最新の動向について解説します。		