

データサイエンス講習会のお知らせ

Rによるデータ解析の基礎と応用

一般社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム(JBIC)

東京大学大学院農学生命科学研究科・アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット

2026年1月9日

Rは、統計解析やデータ可視化に特化したプログラミング言語・解析環境であり、学術研究をはじめ多くの分野で広く利用されています。近年、Pythonによる機械学習・深層学習が急速に普及する一方で、統計解析や探索的データ解析、解析結果の可視化・報告においては、Rはいまなお強力な選択肢です。本講習会では、Rを中心に据えつつ、Pythonによる深層学習も取り入れることで、研究・開発現場における実践的なツール活用を俯瞰的に学べる構成としています。すでにPythonを用いてデータ解析や機械学習に取り組んでいる方にとっても、Rの強みや両言語の使い分けを体系的に理解する機会となります。本講習会は、これまで(2020年2月、2021~2025年3月)に実施してきた講習会と同様に、データサイエンス人材の裾野を広げることを目的として開催します。今回はオンライン形式で2日間にわたり実施します。

1日目は、RおよびRStudioの基本的な操作方法を学びながら、データの読み込み・整形、基礎的な統計解析、データ可視化について、演習を交えて解説します。また、近年関心の高まっているChatGPTを活用したデータ解析についても取り上げます。2日目は、午前中にGoogle Colabを用いたPythonによる深層学習(画像解析)を行い、午後にはRを用いたゲノムワイド関連解析(GWAS)について学びます。2日間を通して受講することで、Rによる統計解析・データ可視化と、Pythonによる深層学習の双方を理解し、目的に応じて適切に使い分けながらデータ解析を自立して行えるようになることを目標としています。

本講習会では主に植物由来のデータを対象とした解析を行います。講義および演習内容は、受講者が取り扱う他の生物種にも適用可能な汎用的手法となっています。

*本講習会は、2019年2月に、経済産業省の委託事業として実施した『「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス関連人材」のスキル標準の策定及びそれらの育成プログラムの開発/実証』バイオインフォマティクス講習会の後継として実施するものです。

URL: <https://www.learning-innovation.go.jp/verify/c0037/>

日時: 2026年3月12日(木)~13日(金)、10:00~16:00(予定) 各日の講義終了後に質問の時間を設けます(参加自由)。

会場: **Webex オンライン講義**

対象者: 講義開催日時点でJBIC会員企業に所属される方

※接続用URLは、受講申込者に、講習会前日までにメールでお知らせいたします。

※講習会終了後、講義動画をJBIC会員サイトにて公開予定です。

1日目(2026年3月12日(木)予定内容):初心者向け講習会(基礎)

・午前:[Session 1] Rを用いた統計解析・データ可視化・入門(東京大学大学院農学生命科学研究科・准教授 大森良弘)

1日目午前は、Rによるデータの読み込み、整形、簡単な統計解析、グラフ作成、ファイル保存までの一連の流れを学びます。データ解析入門者向けに基礎的な解説を交えながら演習を行います。

・午後:[Session 2] Rでインタラクティブなグラフの作成(東京大学大学院農学生命科学研究科・准教授 大森良弘)

[Session 3] RでのChatGPTを使ったデータ解析(東京大学大学院農学生命科学研究科・助教 櫻井建吾)

1日目午後は、Rでのインタラクティブなグラフの作成について簡単な演習を行います。データの探索や理解を向上させる高度なデータ可視化技術の基礎、およびRで再現可能なデータ解析とレポート作成を実践するための技術を学びます。また、後半には、近年注目を集めているChatGPTを活用しながら、相関や回帰といったデータ解析を行います。頼りすぎには不安の残る大規模言語モデルですが、簡単なデータ整形や解析においては非常に役立ちます。

2日目(2026年3月13日(金)予定内容):中級者向け講習会(応用)

・午前:[Session 4] Pythonでの深層学習を用いた画像解析(東京大学大学院農学生命科学研究科・助教 櫻井建吾)

2日目午前は、Google ColabでのPythonを用いた深層学習を行います。ここでは、深層学習モデルを構築し、画像データの分類を行うための方法を学びます。Google Colab内にPythonの実行環境は整えられているため、環境構築を行うことなくPythonを動かすことができます。

・午後:[Session 5] Rを用いたゲノムワイド関連解析(GWAS)(東京大学大学院農学生命科学研究科・准教授 師田郷太)

2日目午後は、近年ヒトや様々な動植物集団における原因遺伝子探索手法として一般的となったゲノムワイド関連解析(GWAS)を取り上げ、Rパッケージgastonを使用して、遺伝子型情報(ゲノムワイドマーカー)を活用した解析の演習を行います。GWASは中級者としてはやや難しい内容ですが、生命科学で扱うビッグデータの一つであるゲノム情報の解析について学びます。

受講申込:以下の参加申し込みURLよりお申込みください。

(*本講習会はJBIC会員企業に所属されている方に限定させていただきます。)

申込期間:2026年1月9日(金)~3月5日(木)17:00まで

申し込みURL: <https://forms.cloud.microsoft/r/YZfMuDqWY>

受講費用: 無料

注意事項:

1. 本講習会はデータサイエンス初心者から中級者を対象としています。事前準備として、講習会で使用するPCに**R および RStudio(最新版)**を各受講者ご自身でインストールしてください。事前準備の方法については、Web 連携テキスト「バイオインフォマティクス」(<https://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/textbook/appendix.html>)の「R1.010R 本体と RStudio とパッケージのインストール」および「R1.020 RStudio の基本的な利用法」を参照してください。本講習会は、**R および RStudio が問題なく動作することを前提に進行し、講義中に R のパッケージを PC にインストールする場合があります**ので、PC の設定や利用制限にご注意ください。設定変更が難しい場合は、posit Cloud など、RStudio を Web ブラウザ上で実行できるサービスの利用もご検討ください。
2. Pythonによる深層学習の講義では、Google Colaboratory(Google Colab)を使用します。受講にあたっては**Google アカウントが必要**となりますので、事前に利用可否をご確認ください。Pythonの事前インストールや環境構築は不要で、Web ブラウザ上で実行可能な環境を使用します。業務用 PC での利用制限等がある場合は、あらかじめご確認ください。
3. 今回のオンライン講義は、RStudio を操作しながら行うハンズオン形式ですので、可能であれば、講義視聴用の PC と RStudio 用の PC をそれぞれ別にご用意頂き、講義はデスクトップ PC などの大きめのモニターで視聴いただくことを推奨いたします。
4. 本講習会で利用する遺伝子型情報は、バリエントコール後のファイル(Variant Call Format:VCF など)です。FASTQ ファイルの前処理やリードマッピング等はいりませんので、あらかじめご了承ください。
5. **令和7年度講習会の講義資料**は、以下のJBIC会員専用サイト内に**2月下旬頃**に公開予定です。
https://www.jbic.or.jp/members_only/data_science (ID・PWが不明な場合はJBICにご連絡ください)
6. 両日ともにレポート課題を出します。レポートの提出は必須ではありませんが、提出して**合格と認められれば、「令和7年度 R講習会 修了認定証(仮称)」を授与**することを予定しています。

問合せ:

一般社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム(JBIC) lecture@jbic.or.jp (片倉)

東京大学大学院農学生命科学研究科・アグリバイオ事務局 koshukai@iu.a.u-tokyo.ac.jp (大森)

以上