

contents

[コラム]

Learning Analytics とは
…山川 修

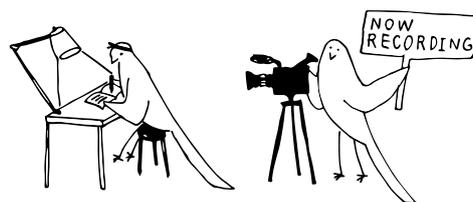
[解説]

インターネットの副作用と情報教育
—思考様式と人間関係への影響にどう対処するか—
…阿部圭一

[解説]

農学系ゲノム科学領域における
情報科学・統計科学教育の取り組み
…石井一夫

■ 応 一般 Column



Learning Analytics とは

2011 年から欧米で Learning Analytics (LA) という分野が盛り上がりを見せている。大学などの高等教育機関において LMS (Learning Management System) や e ポートフォリオなど、ネットワークにつながったコンピュータシステムを利用して授業を実施することが増えてきているが、この際、学習者がシステムをどう利用して学習したかという学習行動の履歴が自動的に蓄積される。この学習履歴をデータマイニングの手法を使って可視化、分析することにより、学習者の達成度の評価、将来的な能力の予測、隠された問題の発見などを行う分野が LA である。LA の最終的な目的は、さまざまなレベルやニーズの学習者に合わせた教育を (リアルタイムに近い形で) 可能にすることである。日本でも 2013 年から LA に関するセッションやシンポジウムが各地で開催されるようになってきた。昨年 (2013 年) の FIT (情報科学技術フォーラム) では「学びを科学する」という LA に関係する特別セッションが開催されたし、日本教育工学会全国大会においても、課題研究において「教育・学習支援システムにおける Learning Analytics 的アプローチ」と題したセッションが開催された。

LA は教育をエビデンスベースに転換するツールと考えることができる。通常、高等教育機関で教育を行うとき、意識しているかどうかは別として、「学習モデル」→「授業デザイン」→「実践」→「評価」というプロセスを経ている。学習モデルとは、学習者がどのように学ぶかということに関するモデルである。これは、教育の専門家でなくとも教育の出発点として個々の教員が持っていると考えるのが妥当である。次の授業デザインは、この学習モデルに従って、授業を組み立てるプロセスである。この授業デザインに従って教員は授業を実践し、毎回か定期的かはさまざまだが、授業に対する評価を実施している。LA では今まで見えなかった学習者の学習行動を可視化することにより、評価に新しい視点を持ちこみ、今までと違った学習仮説から実践を改善できる可能性がある。この点が、現在、欧米を中心に LA がブームになっている理由であろう。

ここまでの、現在考えられている LA のストーリーだが、LA で作成した学習仮説をもとに、その仕組みをシミュレーションや非線形微分方程式などでモデル化することにより、学習原理の解明や異なった環境における学習の予測など、新しいアプローチで学習や教育を取り扱うことができないかということ、共同研究者とともに議論しているところである。

山川 修 (福井県立大学 学術教養センター)

インターネットの副作用と情報教育

—思考様式と人間関係への影響にどう対処するか—

阿部圭一

元静岡大学・愛知工業大学

インターネットの副作用

インターネットは、その副作用として人間の思考様式や人間関係に影響を与える可能性がある。その影響をデータの的に立証することは難しい。立証できたとしても、それは多くの社会的要因が複合した結果であり、インターネットがどの程度影響しているかはわかることは不可能である。しかし、悪影響が明らかになったときには、もう遅いという事態があり得る。したがって、そのような副作用があるかもしれないという前提に立って今後の情報教育を考えるべきであるというのが、筆者の提案である。上記の可能性に関する以下の論考には異論も多いと思うが、1つの見方と考えていただきたい。

インターネットは革命的とも言えるプラスの影響と利便性を個人や社会にもたらし、現在も急速に発展している。しかし、その一方でインターネットが個人や社会に与えるマイナスの影響も、大きくなっている。筆者はそれに対して、薬とのアナロジーにより、「インターネットの副作用」という表現を用いた¹⁾。

ここでは「インターネット」という語を、インターネット上で使われているアプリケーション、使い方や利用実態も含むものとして用いる。携帯電話や携帯端末からの利用も含める。

以下で述べるインターネットの副作用は、成長期にある青少年に対しては、大人以上に重大な問題である。なぜなら、ある世代より上の者にとっては、

青少年時代に携帯電話やインターネットは存在しなかった。そのため、インターネットを利用するか代替手段を用いるかを選ぶことができる。幼少期から携帯電話・インターネットの利便性にどっぷりと漬かって育ってきたデジタル・ネイティブに対しては、積極的に代替手段の利用も考えさせるような教育を行わなければならない。

情報モラル教育と言えば、携帯電話・インターネットをめぐるトラブルの被害者・加害者になるのをいかにして防ぐかという視点が主であった。本稿で論じるのは、それらのトラブルに比べて目には見えにくい、広く浅い影響である。長い目で見れば、一時的なトラブルよりももっと深刻な副作用であるかもしれない。

思考様式に及ぼす影響

□ 情報のリアルタイム化

現在のインターネット上での情報交換は、リアルタイム性の重視に向かっている。多くの人は、最新の情報を求めたいという衝動にますます押し流されている。情報の新鮮さを求める受信者の性向が発信者にフィードバックされて、情報の受発信がますます加速度化している。

現在、「情報の過食症」とでも呼ぶべき事態が広がっている。情報の過食症はじっくりと考える機会や時間を奪い、「考える力」を低下させる可能性がある。人は、一過性の情報を追い求め、そしてすぐに

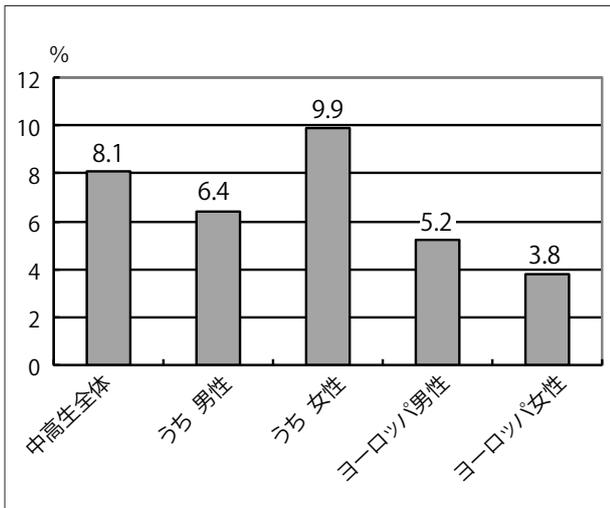


図-1 ネット依存の疑いの強い生徒の割合

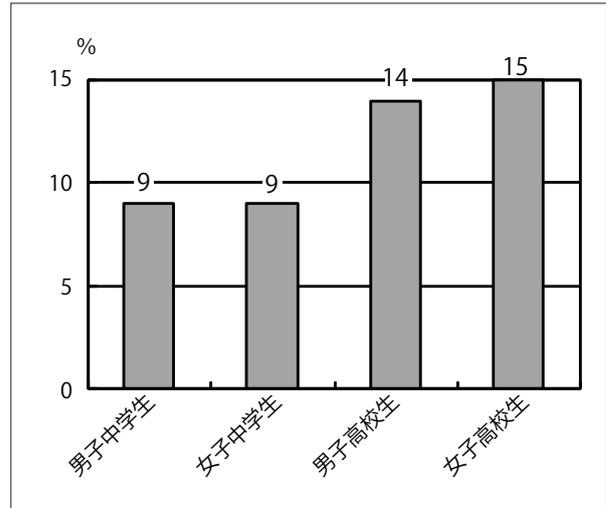


図-2 平日に5時間以上インターネットを使う生徒の割合

忘れてしまう。そのような態様では、知恵を形づくる土台としての知識の体系を理解し蓄積すること、および実社会で最も必要とされる判断力を育むことに悪影響があるかもしれない。

□ 情報の断片化

リアルタイムで得られる一過性の情報は、個別的・断片的な情報である傾向が強い。実際、Web上にある情報のほとんどは断片的な情報であり、書籍や論説の形によって提供されてきたような体系的な知識は割合としてはきわめて少ない。また、多くの人はそれを読もうとしない。

そもそも、ハイパーテキストという情報構造自体が、情報の断片化を誘引している。なぜなら、ハイパーテキストは、なるべく文脈独立になるように断片化した情報をリンクで結びつけた構造だからである。検索システムも情報の断片化を促進する傾向を持つ。

大学生協による読書に関する調査では、読書にあてる時間が0と答えた大学生が40.5%あった²⁾。書籍からインターネットへのメディア・利用時間の移行が一因と推測される。大学生の、長い文章を読む速度や読み取りの正確さが衰えていると感じるのは筆者だけではあるまい。

□ 言語能力の退化の恐れ

現在では、動画受信の普及と携帯電話や携帯端末によって、ビジュアルな情報を受容する機会が格段に増えている。特に携帯型の機器は、「いつでも、どこでも」の視聴を可能にする。

ビジュアル情報や断片化(短文化)されたコミュニケーションへの傾斜によって、青少年の言語能力の退化を促進している恐れがある。平田オリザは「単語でしか喋れない子どもが増えている」と言う³⁾。

■ 時間の消費とネット依存

ネット依存の疑いの強い中高生の割合を図-1に示す。これは、厚生労働省科学研究の一環として行われた調査結果⁴⁾で、2013年8月に発表された。比較のために、同じ質問票で調査したヨーロッパ12カ国の平均15歳の調査結果も示した。この結果から、日本の中高生のネット依存が深刻であることが分かる。また、同じ調査結果から、平日に5時間以上ネットを使用している生徒の割合を図-2に示す。次の段階として、ネット依存傾向と実生活上の問題(成績の急低下、不登校、留年、退学、家庭内暴力など)との間の関係を、量的データとして調査することが急務である。

別の調査⁵⁾によると、高校生の主要6メディア(テレビ、ラジオ、新聞、雑誌、パソコンネット、携帯

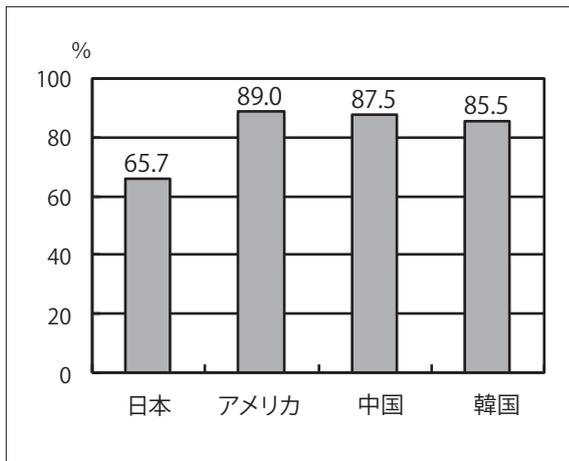


図-3 学校に何でも相談できる友だちがいる割合

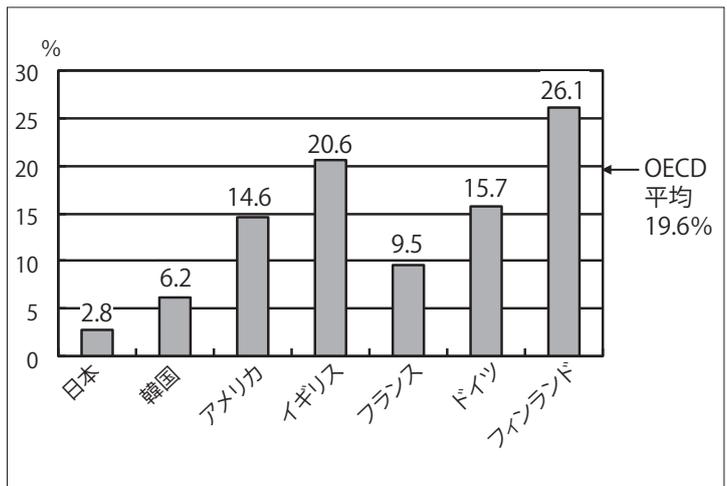


図-4 オンライン・ディスカッションへの参加経験者の割合

ネット)をあわせた1日あたりの総使用時間の平均は、スマートフォン利用者では、男子422.0分、女子448.2分にもなる。この中には書籍は含まれていないし、新聞・雑誌への接触時間は合わせて20分以下である。

子どもが大人になっていく大切な時期に、多くの時間をゲーム・動画視聴・チャットの世間話に消費しているとしたら、問題ではなからうか(参考:文献6)。さらにネット依存・ゲーム依存においては、失われた時間が年単位におよび、社会人としての基礎的能力や人間関係を築く力を欠いてしまう若者がある割合で生じるだろう。

人間関係に及ぼす影響

人間関係が広くなる代わりに薄くなっている。インターネット、特に携帯電話からのインターネット利用はこれを助長している可能性がある。これはデータの示すことはできず、印象論で言われているに過ぎないので、きちんとした調査が必要である。

1つのデータを図-3に示す。日本青少年研究所が2010年に行った、日本・アメリカ・中国・韓国の4カ国の「高校生の心と体の健康に関する意識調査」⁷⁾の中の、友人関係についての結果である。「学校に何でも相談できる友だちがいる」という設問に「まったくそうだ」または「まあそうだ」と答えた者の

割合を示す。

感覚に直接訴えるビジュアルな表現や短文でのコミュニケーションは、広く薄い人間関係の維持には適する。しかし、社会的に意味のある仕事や活動を行うには、複雑な人間関係と折り合いをつけながら、チームで協働して仕事をしたり、利害の対立する組織間で折衝をしたりする必要がある。このためには、情報の断片のあいだの関係性や論理性を表すことのできる高度な言語表現能力が必須である。

情報教育における対処

インターネットの浸透によって生じる上述の副作用に対して、情報教育はどう対処すればよいであろうか。次の3点が重要であると考えられる。

(1) インターネットを活用すれば、こんな面白い、面白い(amusingでなくinteresting)ことができるという体験をさせる。こういうふうにインターネットを活用できる人間に育ててほしいというメッセージを送るのである。

このような前向きなインターネット利用が日本では弱いことを示唆するデータの1つを図-4に示す。これはOECD PISA 2009報告書中の一データ⁸⁾で、オンラインの討論やフォーラムに参加したことのあつる15歳児の割合を示す。

(2) 特定のツールの利用を前提とした演習ではなく、

高度な解決課題を与え、その中で利用できる情報手段(デジタルなツール以外も)を考え、選択して用いさせる。

- (3) 資本主義経済の中で、提供される情報通信技術も情報の大量消費によって利益を得ていることを説明し、安易にそれに乗らない態度を育てる。青少年にインターネットが及ぼす副作用は、情報教育だけで解決できる問題ではない。インターネットの副作用として生じている諸問題は、もはや個人や家庭、学校だけの責に帰すことはできない。日本の将来を支えていくべき世代の知的成長に悪影響があるとしたら、社会としても損失である。したがって、社会全体として解決に取り組むべきであると筆者は考える。

参考文献

- 1) 阿部圭一：インターネットの副作用に対処する情報教育はどうあるべきか—思考様式と人間関係への影響を考える—、情報教育シンポジウム(SSS2012)論文集, pp.45-52 (2012).
- 2) 全国大学生生活協同組合連合会：第49回学生生活実態調査の概

要報告(2014), <http://www.univcoop.or.jp/press/life/report.html>

- 3) 平田オリザ：わかりあえないことから, p.20, 講談社現代新書(2013).
- 4) 樋口 進：ネット依存症, p.20, PHP 新書(2013).
- 5) 博報堂DYメディアパートナーズ メディア環境研究所：スマートティーン調査報告(2012), <http://www.hakuhodody-media.co.jp/wordpress/wp-content/uploads/2012/12/HDYMPnews1212103.pdf>
- 6) デジタルアーツ(株)：2013 未成年の携帯電話・スマートフォン使用実態調査, p.4 (2013), http://www.daj.jp/company/release/data/2013/091001_reference.pdf
- 7) 日本青少年研究所：高校生の心と体の健康に関する意識調査(2011), <http://www1.odn.ne.jp/youth-study/research/index.html>
- 8) OECD : PISA 2009 Results Learning to Learn - Volume III, p.198 (2010), <http://www.oecd.org/pisa/pisaproducts/48852630.pdf>

(2013年11月28日受付)

阿部圭一(正会員) kei1.abe@nifty.com

1968年名古屋大学大学院工学研究科博士課程満了。工学博士。静岡大学工学部、情報学部を経て、2006年4月から2013年3月まで愛知工業大学教授。

農学系ゲノム科学領域における 情報科学・統計科学教育の取り組み

石井一夫

東京農工大学

ゲノム科学の発展と情報科学・統計科学教育

ゲノム科学は、次世代シーケンサや質量分析装置などの高性能機器の実用化に伴いながら、急速に発展している分野である。特に、ゲノム科学の進歩により、医学、農学、環境などの生命科学分野においては、大量のデータ(ビッグデータ)の解析を行う必要に迫られる機会が多い。これらの大規模データ解析においては、プログラミング、データベース、ネットワークなどの情報処理技術やパラメトリック・ノンパラメトリック検定、多変量解析、機械学習などの統計科学が必須である。これらのデータ解析は、昨今のメディアで話題となっているビッグデータ分析で使われている技術と共通するものであり、情報科学や統計科学の知識と技術を併せた境界領域の分野であるため、現在の生命科学系学部において、これらの教育に十分に対応できているとはいえない。

すなわちゲノム科学は、ここ数年で急速に発展してきた新しい技術であるため、従来の教育体制でカバーしきれていないのが現状である。

東京農工大学「農学系ゲノム科学領域における実践の先端研究人材育成プログラム(以下、農学系ゲノム科学人材育成プログラム)」では、2011年4月より、ゲノム科学の研究を行いたい大学院生を対象に、ゲノム科学に関する研究テーマを募集し、解析に必要な技術を教授する教育プログラムを実施している。本稿では、これらの教育プログラムにおける

ゲノム科学ビッグデータのデータ解析に関する情報科学教育・統計科学教育に関する取り組みに関して報告する。

農学系ゲノム科学でのデータ解析に関する情報科学・統計科学教育の実践

教育プログラムの創設

近年、生命科学分野において、ゲノムビッグデータ解析の必要性に伴い情報科学・統計科学教育に対するニーズは非常に高くなってきている。

しかし、農学系領域において、これらゲノム科学のデータ解析を十分に行えるような、プログラミング、データベースの構築・取り扱いを含む情報科学教育や、統計学的検定、ベイズ統計、多変量解析に機械学習、自然言語処理なども含めた統計科学教育、およびその基礎となる線形代数や微分積分、常微分方程式、偏微分方程式などの数学的な基礎知識に関する教育が十分に行われている教育機関は多くないと思われる。

東京農工大学では、このような環境のなか、文部科学省の特別経費により、ゲノム科学の研究を実施する必要に迫られた学生、研究者に、ニーズにあった教育を実践し、ゲノム科学研究を実施できる学生、研究者を育成することを目標として、2011年4月より、文部科学省の特別経費により、教育プログラム「農学系ゲノム科学人材育成プログラム」を開始した。

これらの取り組みの中で数学的基礎知識を基盤とした情報科学・統計科学技術に基づくデータ解析を

実施できる学生、研究者を育成する研究教育活動を実施している。

□ 教育プログラムの概要

(1) 教育の対象者

この教育プログラムは、農学系学部（工学部、獣医学部の関連学科を含む）のゲノム科学を専門とする大学院を対象としている。すなわち、学部、研究科、専攻、講座、研究教育分野の枠を越え、東京農工大学だけでなく、東京農工大学と連携する関連の学部（茨城大学、宇都宮大学を含む）も対象としている。

(2) 教育の実施概要

まず、本教育プログラムでは、東京農工大学大学院の学生（修士課程、博士後期課程）からゲノム科学を必要とする研究課題の募集を行う（図-1）¹⁾。本学の大学院学生であれば、農学府・工学府・Base・連合農学研究科（茨城大学・宇都宮大学を含む）に所属するすべての学生が応募できる。

学内外の識者による審査を経て採択された場合、研究室の個々の研究テーマを実施しながらゲノム科学（ゲノミクス・プロテオミクス・メタボロミクスおよびこれらの応用分野）に関する知識と技術を、主指導教員に加え、ゲノム科学分野を専門とする特任教員およびリサーチメディエータとの連携による個別指導を受け習得することができるしくみになっている。

また、初心者レベルから専門家レベルまでの情報処理技術の習得も含めたゲノム科学全般について、知識・実験技術などに関する講習会・セミナー・シンポジウム等を適宜実施する。セミナーや公開講座の実施の際には、状況に応じてゲノム科学のデータ解析を行うことを希望する学内外の教員ならびに一般企業の研究者をも対象に含めた。

(3) 教育の実施過程

以下、本教育プログラムの実施過程をまとめる。

1) 研究テーマの公募と評価、採択

次世代シーケンサ（ゲノム自動解析装置）を用いてゲノム科学研究を行いたい大学院生から研究テーマを公募し、その内容の教育上の妥当性、効果、社会

農学系ゲノム科学におけるビッグデータ分析教育の実施組織 専攻・講座・研究教育分野/研究室の枠を越えた 先端技術・知識の個別指導

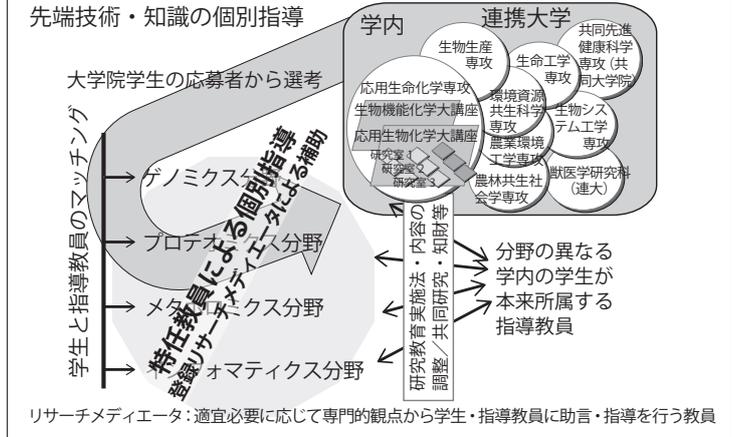


図-1 農学系ゲノム科学人材育成プログラムの実施体制

的重要性を評価した上で、有望な研究テーマを採択する。

2) データの取得

採択された研究テーマそれぞれで、その指導教官と学生の打合せを行った後に、次世代シーケンサなどのゲノム解析装置を用いて、ゲノム解析配列データを取得する。

3) データ分析

得られたデータを、UNIX/Linux をプラットフォームとしたデータ解析環境を用いた解析を実施する。その際、プログラミング、データベース、ネットワーク、統計解析などのデータ分析方法を、マンツーマンでトレーニングする。

4) 講習会、セミナーの実施

実施対象の大学院生や、学内外の教員、一般社会人を対象とした講習会、セミナー、シンポジウムを実施する。

5) 研究報告会の実施

各学生の研究成果を発表する報告会を実施する。

□ 教育プログラムの具体的内容

表-1 に本教育プログラムで実施したゲノム科学領域における情報科学・統計科学教育の実施内容を示した²⁾。

教育プログラムは3カ月ごとの区切りになっており、基礎技術レベル、応用技術レベル、アドバンスレベル、専門家レベル、プロレベルと段階を追って

農学系ゲノム科学におけるビッグデータ分析の実施内容

提供する支援レベル (習得技術・内容)

基礎技術レベル (3カ月)	E1: UNIX の操作・データ解析環境の構築・スクリプト作成 (Perl/Ruby/Python) FreeBSD, Linux の操作, インストール, Perl などを用いたテキスト処理
応用技術レベル (3カ月)	E2: DNA 配列アセンブリ・メタゲノム解析・データベース構築 (SQL) DNA 配列アセンブリソフト Velvet, Oases, Trinity などの操作とデータアセンブリ法, 原理 データベース管理システム MySQL, PostgreSQL を用いたデータベースの構築と, クエリ, 集計
アドバンスレベル (3カ月)	E3: RNA-Seq 解析・ChIP-Seq 解析・統計解析 (R/MatLab) 発現定量データの取得と統計解析, パラメトリック検定, ノンパラメトリック検定, 多変量解析, 機械学習, クラスタ解析, グラフィックスによる視覚化
専門家レベル (3カ月)	E4: 上記以外のデータ解析法 (QTL・カスタムライブラリの解析) 遺伝統計解析, 統計モデリング (一般化線形モデル, 一般化加法モデルなど), モンテカルロシ ミュレーション, マルコフ連鎖モンテカルロ法, 遺伝学的系統樹解析
プロレベル (3カ月)	E5: 新規データ解析法の開発実装 (C/C++/Java) Perl, Python, Ruby, C, C++, Java を用いた新規アルゴリズムの実装

表-1 教育プログラム
の具体的
内容

ステップアップしていく。

- (1) 最初の「基礎技術レベル」では、① UNIX の簡単な操作の入門にはじまり、②データ解析環境の立ち上げと、③シェルや Perl, Ruby などの簡単なスクリプトの書き方を学ぶ。
- (2) 「応用技術レベル」は、次世代シーケンサのデータ解析を実際に行うレベルである。
 - ① DNA 配列データの品質管理：品質管理ソフト FastQC を用いた DNA データのクオリティチェックをシェルや Perl などのスクリプトで行い、クオリティの悪いデータを FastX-Toolkit や cutadapt などの簡易ソフトで除く。
 - ② DNA 配列データのアセンブリ (連結), マッピング (DNA 配列の参照配列への整列)：その後, Velvet, Oases, Trinity などの DNA 配列アセンブラ (DNA 配列連結ソフト) で塩基配列のアセンブリを行ったり, DNA 配列マッピングソフト BWA, Bowtie などを用いて参照配列へマッピング (整列) を行ったりする。
 - ③ コマンドによるデータベースの検索, データベースの構築：コマンドによる BLAST を用いた検索や, 次世代データを用いた MySQL や PostgreSQL によるデータベースの構築とクエリの方法について学ぶ。統計解析ソフト R を用いた簡単な集計方法についてもここで学ぶ。
- (3) 「アドバンスレベル」では、次世代シーケンサのデータ解析のうち、より難易度の高いデータ解析を行う。具体的には, RNA-Seq (RNA の網羅的定量データ解析), ChIP-Seq (DNA へのタンパク質の結合様式の網羅的な解析), リシー

ケンシング (DNA の多型解析) および R を用いた統計解析について学ぶ。

- ① 発現定量解析 (RNA-Seq) ではマッピングソフト Tophat を用いたマッピングと発現解析ソフト Cufflinks によるデータの集計法について学ぶ。
 - ② ChIP-Seq では, BWA により参照配列にマッピングしたあと MACS によるピーク (タンパク質結合部位) 検出を行う。その後, MEME や WebLOGO などのソフトによるタンパク質の結合するコンセンサス配列の検出なども行う。
 - ③ リシーケンシング (多型解析) では, BWA により参照配列にマッピングしたあと, SAMtools などによりデータの集計などデータ解析を行う。
 - ④ 発現定量解析については, R による統計検定 (パラメトリック検定, ノンパラメトリック検定, 分散分析, 多重比較の多重補正) などを行う。
- (4) 「専門家レベル」では、次世代シーケンサのデータ解析のうち、通常のソフトウェアで提供されていない非定型のデータ解析を行う。
- ① シェルや Perl などのスクリプト言語を用いた自動化パイプラインを構築したり, 通常の定型の解析ソフトで行えないようなカスタムモードのデータ解析を行ったりする。遺伝統計解析なども必要に応じて, ここで学ぶ。
 - ② R や Matlab については, 統計モデリング (一般化線形モデル, 一般化加法モデル), モンテカルロシミュレーションやマルコフ連鎖モンテカルロ法などによる解析法 (ブートストラップ法, ジャックナイフ法, 並べ替え検定) を学ぶ。③

機械学習, k-means 法, 主成分分析, クラスタ分析など. データマイニング手法を学ぶ⁴⁾.

(5) 「プロレベル」では, プログラミング言語を用いた新しいデータ解析法の実装について学ぶ.

R による関数の作成とパッケージング. 新たな解析方法について, Perl, Python, Ruby などを用いたやや高度なプログラミングを行う. ソフトウェアをインストールする際の, Makefile の読み方やその修正方法, ビルドの際にエラーが出たときの対応方法など C, C++, Java のコンパイル方法について学ぶ.

農学系の学生を対象にしているため, 時間的制約もあることから C, C++, Java を用いた新規ソフトウェアの開発まで行うレベルは想定していないが, そのような研究に挑戦する学生が出てくることを期待する.

教育プログラムの実施状況

表-2 に今回の教育プログラムに参加しデータ解析技術を習得した大学院生の人数をまとめた.

2011 年度に全体で合計 37 名の採択者を受け入れ, そのうち 22 名に対して, ゲノミクス・インフォマティクス分野(表-2 の GI 分野)の教育指導を行った. 残りの 15 名はプロテオミクス分野の教育指導を受けた.

2012 年度には, のべ 85 名の採択者を受け入れ, のべ 63 名に対してゲノミクス・インフォマティクス分野の教育指導を行った.

2013 年度には, のべ 54 名の採択者を受け入れ, のべ 36 名に対してゲノミクス・インフォマティクス分野の教育指導を行った.

年度ごとに採択方法が異なっているので, 単純に比較はできないが, 順調に教育実践を行った実績を上げたと考ええる.

まとめ

東京農工大学「農学系ゲノム科学人材育成プログ

期間	全採択数 (GI 分野)
2011 年度	
第 1 期 (7~9 月)	12 名 (うち 7 名)
第 2 期 (10~12 月)	14 名 (うち 8 名)
第 3 期 (1~3 月)	11 名 (うち 7 名)
2012 年度	
第 1 期 (6~8 月)	27 名 (20 名)
第 2 期 (9~11 月)	27 名 (20 名)
第 3 期 (12~2 月)	31 名 (23 名)
2013 年度	
第 1 期 (6~9 月)	25 名 (16 名)
第 2 期 (11~2 月)	29 名 (20 名)

表-2 農学系ゲノム科学における情報科学・統計科学教育の実施実績 (2011~2013 年度)

ラム」における情報科学, 統計科学教育の実施状況を紹介した. まとめて変えて, 現在の問題点, 今後の課題について述べる.

ほとんどの生物系の学生は, 本プログラムに参加するまでに, プログラミングなどの情報科学実習や, 統計数理科学の授業などをあまり受けたことがなく, その基礎となっている線形代数や微分積分, 偏微分, 微分方程式, 確率・統計などの数学的基礎を十分に習得せずに, データ解析を学びにくるのが実状であり, コンピュータリテラシーや, 数式の解釈を理解してもらっただけでも相当な苦労がある.

今後, 情報科学や統計科学を含むデータサイエンスが工学や理学以外の生物系学部においてきちんとしたカリキュラムとして取り込まれることを期待するが, その実現に関しての見通しは, 周囲の理解を得るのはなかなか困難で, 決して明るいとはいえない. また, 分かりやすい教科書, 自習書もあまりないなどの問題もある. しかし, このプログラムを通じて, できることから少しずつ実施して行きたいと考える.

参考文献

- 1) 文部科学省 連携事業「農学系ゲノム科学領域における実践的先端研究人材育成プログラム」プログラムの概要, <http://genome.lab.tuat.ac.jp/genome/overview.html>
- 2) 文部科学省 連携事業「農学系ゲノム科学領域における実践的先端研究人材育成プログラム」プログラムの内容, <http://genome.lab.tuat.ac.jp/genome/program.html>
- 3) Rizzo, M. : Statistical Computing with R, Chapman & Hall/CRC (2008) (Rizzo M (著), 石井一夫, 村田真樹 (共訳) : R による計算機統計学, オーム社 (2011)).
- 4) 石井一夫, 佐藤 暁, 古崎利紀, 有江 力, 寺岡 徹: ゲノム科学におけるビッグデータ・データマイニング, 日本統計学会誌, Vol.43, No.1, pp.90-111 (2013).

(2014 年 2 月 3 日受付)

石井一夫 (正会員) kishii@cc.tuat.ac.jp

東京農工大学農学府農学部「農学系ゲノム科学人材育成プログラム」.