# 数理生物学演習

第1回 Hello, World!

野下浩司(Noshita, Koji)

☑ noshita@morphometrics.jp ြ https://koji.noshita.net 理学研究院 数理生物学研究室

本演習の進め方

## 演習の基本方針

★★★ 数理生物学的トピック:数理生物学に興味を持ってもらう 例:ロトカ-ボルテラモデルによる被食者-捕食者の個体群動態の記述

★ 研究への挑戦:研究を進める上で必要な、または役立つ経験をする 例:文献の探し方、使うと便利なツールの紹介

★★ 数値計算的アルゴリズム:計算機で問題を解く方法を学ぶ 例:ニュートン法により方程式を数値的に解く

★★★ プログラミングのスキル:実際に具体的な問題を解いてみる例:if文, forループ, 配列



自分の知りたいことへアプローチする方法を学ぶ

演習の進め方:各回の基本的な取り組み

30分前後 1.内容の説明・フィードバック

2.実際にプログラミング

3.課題をこなす

4.提出

4.促山

変更があればWebページにて連絡

### 成績

#### GPA目安

- A Excellent 90以上
- B Good 89-80
- C Fair 79-70
- D Pass 69-60
- F Fail59以下

#### 理論的最大点

・ ノーマル:100

・ハード:120

- 課題提出:基本的に毎回提出、出席を兼ねる、 Moodleにて提出
  - ノーマル:55点前後, ハード:65点前後
- ・ 中間報告(第10回に実施予定, <u>チーム</u>での取り組み) 第9回の課題発表と最終課題への方針の説明
  - · 全員:10点前後
- 最終課題

数理生物学的なテーマを自分で設定して、計算機を使ったア プローチで取り組み、レポートにまとめる

ノーマル:35点前後、ハード:45点前後

### 本日の課題

注意:氏名、学籍番号、所属を必ず書く!

- 1.今回の授業でよくわからなかった点を述べる。特になければ、より知りたいと思った点を教えて、
- 2.今後扱って欲しい内容を挙げる(複数可).
- 3.自作の「Hello, World!」プログラムのソースコード (.pyファイル) いずれか 1 つとノートブック形式 (.ipynbファイル) を提出(これはPDFに含めない).
- 4. その他質問、感想、要望をどうぞ、

課題をPDFファイルにまとめて、Moodleにて提出すること

### 連絡

- Webページ
   https://koji.noshita.net/page/compbio/compbio2019/
- e-mail 野下 浩司 <u>noshita@morphometrics.jp</u>
- Slack (後ほど説明します) ku-compbio.slack.com
- 訪問(事前連絡してください)伊都キャンパス ウエスト1号館 W1-C-906

研究室の様子を覗きに来るのも可 その場合はW1-C-909付近で誰か見つけて話しかけて!

# 第1回:Hello, World!

### 本日の目標

- プログラミング言語とは?
- 本演習で使うプログラミング言語の紹介
- プログラミング環境の構築
- ・ 簡単な計算や結果の表示

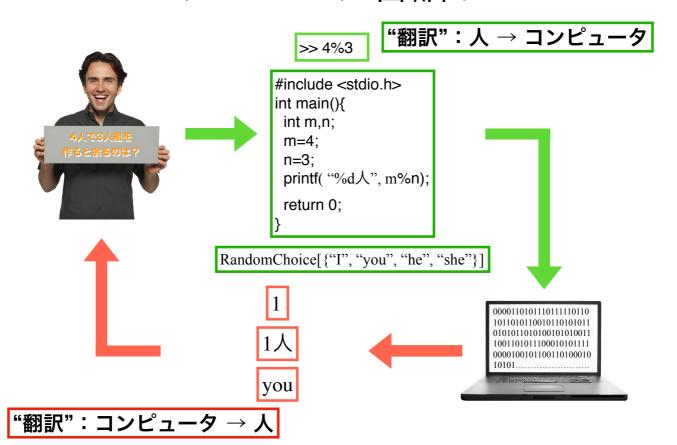
## プログラミング言語って?



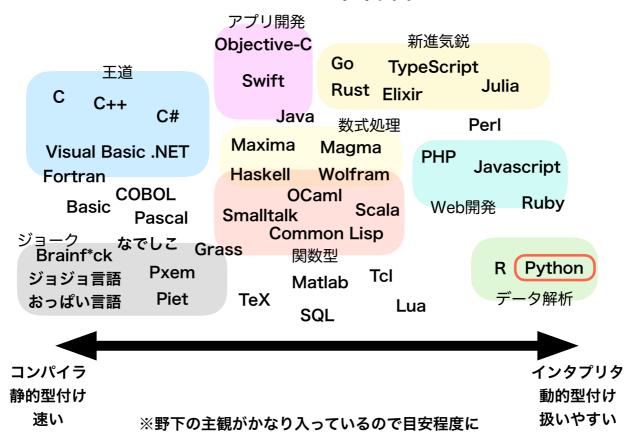


### このままでは分かり合えない → 互いの言語の"翻訳"が必要

# プログラミング言語って?



## プログラミング言語いろいろ



# Python

https://www.python.org/



この演習で利用するプログラミング言語

インタプリタ型、動的型付け

用途:数値シミュレーション、可視化、データ解析

Pythonは数理生物学的なシミュレーションだけなく, データ解析や画像解析などにも利用されている

- → 生物の分野で扱うデータやその解析にも利用でき
- る. 様々な環境(ラボとか職場とか)へ応用しよう.

### Hello, World!

特に理由は無いけれどプログラミング言語を 学ぶと最初に出てくる練習用プログラム

目的 ターミナル等に「Hello, World!」と出力する

- きちんと環境の設定を出来ているか
  - Pythonはインストールできている?
  - パスは通っている?
  - 開発環境の準備は?

…などをチェックする.

プログラミング環境を準備しよう!

# 皆さんへのお願い

- わからないところがあればすかさずググろう! 調べる習慣をつける.
- 困ったら手を挙げてTAを呼ぼう。周りに困っている人がいれば助けてあげよう。
- ・質問や回答をSlackへ投稿するのもオススメ. 情報が共有できる.一人の質問が皆の質問に!
- ・ 演習中の休憩は自由. 疲れ果てる前に休もう.

# Slack

https://slack.com



チャット系のコミュニケーションツール

#### 演習での活用方法

- 質問する
  - ・例)インストールが~で止まる、~の図がきれいに表示されない
- ・他の人の質問に答える
  - 例)~にチェックを入れるといいよ、途中の~の計算ができてないんじゃない?
- 情報を共有する
  - 例) ~の参考になるページを見つけた、~は~からダウンロードできる
- その他にも雑談など様々に活用してください

### Slack 数理生物学演習ワークスペース

ku-compbio.slack.com

以下の招待リンクから参加しよう! デスクトップ, iOSアプリ, Androidアプリ, Webブラウザから利用可能

# 九州大学Moodle

https://moodle.s.kyushu-u.ac.jp/



オープンソースeラーニングプラットフォーム「Moodle」を利用した 九州大学のオンライン学習システム(の一部)

#### 演習での活用方法

- ・ 課題の提出
  - ・ 超重要!提出方法については最後に説明します.
- ・ 質問する, 質問に答える
  - ・Q&Aの掲示板を利用.

#### 登録方法

- 1. 九州大学Moodleへログイン(SSO-KIDとパスワードが必要)
- 2. コースを検索する → 「数理生物学演習」をキーワードに検索
- 3. 「2019年度前期・月3月4・数理生物学演習」を選択
- 4. 「私を登録する」をクリック

## PC環境の設定

- 1. 作業ディレクトリの作成
- ホームディレクトリの直下に演習用のディレクトリを作る

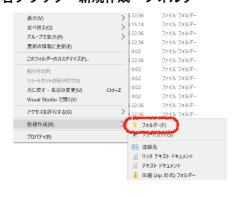
Mac



歯車マーク→新しいフォルダ



右クリック→新規作成→フォルダー



ディレクトリ名は「CompBio2019」にしてください

# PC環境の設定

2. 今回(第1回) 用の作業ディレクトリの作成 ~/CompBio2019の直下にディレクトリを作る

ディレクトリ名は「01」にしてください

今回は、この「01」の中にコードを配置していきます。

次回以降は新たに02, 03, …と回数を名前にしたディレクトリを~/CompBio2019の直下に作って、毎回その中にコードを配置するようにしてください

## 用語解説

- ディレクトリ directoryデータの保管場所のこと、フォルダとも呼ばれる。
- パス pathディレクトリやファイルの"位置"を示すもの。例)~/CompBio
- CUI (Character User Interface) ・CLI (Command Line Interface)
   文字ベースのインターフェース. コマンドなどを入力して, 結果を文字列で受け取る. ターミナルやコマンドプロンプトはCUI.
   皆さんが普段使うアプリのインターフェースは殆どがGUI (Graphical User Interface).
- ・ インデント indentation 字下げ 行頭に空白を入れて開始位置を下げること. Pythonではインデントを特定 の構文の範囲指定に利用するため注意が必要(詳しくは今後の演習で).

# 演習 Webページ

https://koji.noshita.net/page/compbio/compbio2019

# Pythonの環境構築

https://koji.noshita.net/page/compbio/compbio2019/

# テキストエディタ (VSCode) の環境構築

https://koji.noshita.net/post/2019/0407-envvscode2019/

### 実際にプログラムを組んでみよう!

# Pythonの実行方法いろいろ

• 対話型評価環境

式やコードを入力し、それをインタープリタが解釈・実行し、結果を表示する. ちょっとした計算や確認に用いられる.

- ・ソースコード
  - プログラミング言語で書かれたテキストファイル(=ソースコード)を読み込んで、上から順に解釈・実行していく、大規模な計算や繰り返し用いられるコード(パッケージ)を利用する場合に用いられることが多い。
- ・ノートブック

セルと呼ばれる入力・出力エリアからなる実行環境であり、コードやその 出力結果、注釈などのテキストを記録できるファイル. データ解析を行う 際の環境としてよく利用される.

本演習では主にノートブックを利用して進めていきます

#### 対話型評価環境(REPL)インタラクティブシェル

- 1. ターミナルを起動し、仮想環境に入る
- 2. pythonと入力

3. Hello, World!

```
01. Hello, World!
print("Hello, World!")
```

4. 終了

# 対話型評価環境(REPL) IPython

IP[y]: IPython
Interactive Computing

- 1. ターミナルを起動し、仮想環境に入る
- 2. ipythonと入力

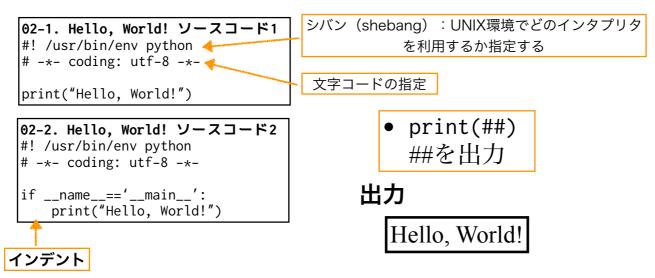
```
[(miniconda3-4.3.30) ~/D/1/2/C/n/01 >>> ipython
Python 3.6.8 |Anaconda, Inc.| (default, Dec 29 2018, 19:04:46)
Type 'copyright', 'credits' or 'license' for more information
IPython 7.4.0 -- An enhanced Interactive Python. Type '?' for help.
In [1]:
```

3. Hello, World!

```
01. Hello, World!
print("Hello, World!")
```

4. 終了

### ソースコード



!注意:pythonではインデントがとても重要な意味を持ちます. 詳しくは、今後の演習で解説していきます.

#### 実行方法

• python ファイル名

(miniconda3-4.3.30) ~/D/1/2/C/n/01 >>> python 02-1.py

### ノートブック

「数理生物学演習(2019年度)向けPython環境構築」の 「基本的な使い方」を参照

https://koji.noshita.net/post/2019/0405-envpython2019/



本演習では主にノートブックを利用して進めていきます

# 課題提出 Moodle

- 1. Moodleへのログイン
- 2. 「2019年度前期・月3月4・数理生物学演習」コースへ移動
- 3. 各回の課題モジュールから提出



## 本日の課題

#### 注意:氏名、学籍番号、所属を必ず書く!

- 1.今回の授業でよくわからなかった点を述べる。特になければ、より知りたいと思った点を教えて、
- 2.今後扱って欲しい内容を挙げる(複数可).
- 3.自作の「Hello, World!」プログラムのソースコード (.pyファイル) いずれか 1 つとノートブック形式 (.ipynbファイル) を提出(これはPDFに含めない).
- 4. その他質問、感想、要望をどうぞ、

課題をPDFファイルにまとめて、Moodleにて提出すること