

ノートPCを用いたバイオインフォマ ティクス分野におけるハンズオン講義

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プログラム

門田幸二、寺田透、三浦文、清水謙多郎

kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp

<http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/>

自己紹介 (アグリバイオインフォマティクス)

ハンズオン講義(PCを用いた実習を含むバイオインフォマティクス講義)の実務派。①2014(平成26年度)以降は外部予算が切れ、かなり厳しい状況

学歴および職歴

- 2002年3月 東京大学・大学院農学生命科学研究科 博士課程修了
- 2002年4月 産業技術総合研究所・生命情報科学研究センター
- 2003年11月 放射線医学総合研究所・先端遺伝子発現研究センター
- 2005年2月~ 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人材養成プログラム(科学技術振興調整費: 2004/10-2009/3)
 アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム(特別教育研究経費: 2009/4~2014/3)

アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム

- 他大学の学生や社会人も受講できる、希少なバイオインフォ教育プログラム

年度	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	108	152
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	24	24
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	55	32
合計	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	187	208
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0
門田担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20

1科目以上の合格者数



自己紹介 (アグリバイオインフォマティクス)

- ①受講人数は増加傾向。
- ②スタッフはどんどん減少。
- ③担当講義時間は着実に増加(20コマ×1.5hr = 30hr)。

学歴および職歴

- 2002年3月 東京大学・大学院農学生命科学研究科 博士課程修了
- 2002年4月 産業技術総合研究所・生命情報科学研究センター
- 2003年11月 放射線医学総合研究所・先端遺伝子発現研究センター
- 2005年2月～ 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人材養成プログラム(科学技術振興調整費: 2004/10-2009/3)
アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム(特別教育研究経費: 2009/4~2014/3)

アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム

- 他大学の学生や社会人も受講できる、希少なバイオインフォ教育プログラム

年度	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	108	152
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	24	24
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	55	32
合計	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	187	208
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0
門田担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20



ハンズオン講義風景

講義室の後方はパイプ椅子。約130名。①私。



アグリバイオ



+ サイトマップ + English

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

Agricultural Bioinformatics Research Unit



受講生の方へ



研究者の方へ

- + ホーム
- + 本ユニットについて
- + メンバー
- + 教育プログラム
- + 研究フォーラム
- + イベント
- + お問い合わせ
- + リンク
- + モバイルサイト

ようこそ!!

アグリバイオインフォマティクス
教育研究ユニットへ

バイオインフォマティクスの実践的基礎教育から、
関連した農学生命科学の教育と研究指導、
本分野の社会連携、国際拠点の形成を目指して



お知らせ - 受講に関する更新情報

- ▶ アグリバイオの講義を受講するには「**2015年度受講証**」が必要となります。
受講証に記載されている**バーコード**がパソコンの貸出と出席登録に必要となります。
講義の際には、受講証を必ず持参して下さい。
受講証は受講登録手続後、農学部2号館地下1階14-2号室で発行されます。
- ▶ 平成27年度以前に受講された方は、**受講IDを継続**して使うことができます。
受講登録期間中に直接事務局までお越しください。
- ▶ 平成27年度受講受講生募集要項は [こちら](#)(PDF)です。

メンバー

①メンバーページ。②プログラム代表者は研究科長。③ほぼ専任の教員は2名。



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
Agricultural Bioinformatics Research Center

ようこそ!!
アグリバイオインフォマティクス
教育研究ユニットへ

お知らせ - 受講に関する
▶ アグリバイオの講義を受講するには受講証に記載されているバーコード
▶ 講義の際には、受講証を必ず持参
▶ 受講証は受講登録手続後、農学部
▶ 平成27年度以前に受講された方は
▶ 受講登録期間中に直接事務局まで
▶ 平成27年度受講受講生募集要項は

- + ホーム
- + 本ユニットについて
- + **メンバー** ①
- + 教育プログラム
- + 研究フォーラム
- + イベント
- + お問い合わせ
- + リンク
- + モバイルサイト

ホーム > メンバー

メンバー

▼ プログラム代表者 ▼ **特任教員** ▼ 特任教授 ▼ 兼任教員 ▼ 講師 ▼ 事務職員

教育プログラムメンバー (平成27年度版)

プログラム代表者		丹下 健 / Tange Takeshi (大学院農学生命科学研究科長) プログラム代表者
特任教員		寺田 透 / TERADA Tohru (大学院農学生命科学研究科 / 准教授) 研究活動：構造バイオインフォマティクス・分子シミュレーションを用いたタンパク質の機能発現メカニズムの解明
		門田幸二 / KADOTA Koji (大学院農学生命科学研究科 / 特任准教授) 研究活動：基盤バイオインフォマティクス。マイクロアレイ・次世代シーケンサーなどから得られるトランスクリプトームデータ解析手法の開発

ほぼ専任の教員2名は、①ここに相当。
②受講生のほとんどは修士の学生。

自己紹介 (アグリバイオインフォマティクス)

学歴および職歴

- 2002年3月 東京大学・大学院農学生命科学研究科 博士課程修了
- 2002年4月 産業技術総合研究所・生命情報科学研究センター
- 2003年11月 放射線医学総合研究所・先端遺伝子発現研究センター
- 2005年2月～ 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人材養成プログラム (科学技術振興調整費: 2004/10-2009/3)
アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム (特別教育研究経費: 2009/4~2014/3)

アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム

- 他大学の学生や社会人も受講できる、希少なバイオインフォ教育プログラム

年度	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	108	152
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	24	24
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	55	32
合計	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	187	208
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0
門田担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20



教育プログラム

大きく3つのカテゴリーに分けられる。受講人数の多い順に①基礎、②方法論、③先端トピックス



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

Agricultural Bioinformatics Research Unit

+ サイトマップ + English



プログラム概要

本プログラムで開講する講義科目は、大きく3つのカテゴリー（基礎、方法論、先端トピックス）に分けられます。カテゴリーと各講義の関係については、[各講義のページ](#)をご覧ください。

カテゴリー	目的
① 基礎	主にバイオインフォマティクスを利用した研究経験のない方を対象としています。生命科学のための各種データベースの利用法やバイオインフォマティクスを利用した様々なツールの利用法、統計の基礎を学ぶことができます。
② 方法論	「基礎」の科目を土台として、様々な実験手法（マイクロアレイなどの網羅的遺伝子発現解析法、質量分析法、二次元電気泳動法など）や計算機的手法（パターン認識や機械学習、統計モデルやモデル選択、分子シミュレーション法、データ正規化や多重比較問題への対処）について解説します。
③ 先端トピックス	企業や大学の研究者が、それぞれの最先端の研究課題について講義を行います。先端トピックスの講義を通じて、バイオインフォマティクスの実際の活用例に触れることで、個々の研究課題へのフィードバックを目指します。また、特別演習を通じて、本プログラム専任教員による研究指導を受けることができます。

ようこそ
アグリバイオ
教育研究



①

②

③

お知らせ

- ▶ アグリバイオ
受講証
講義の
受講証は
- ▶ 平成27年
受講登録
- ▶ 平成27年

- + ホーム
- + 本ユニットについて
- + メンバー
- + 教育プログラム
- + 研究フォーラム
- + イベント
- + お問い合わせ
- + リンク
- + モバイルサイト

①基礎の科目の平均受講者数は98.3名。開催期間は4-5月。

教育プログラム

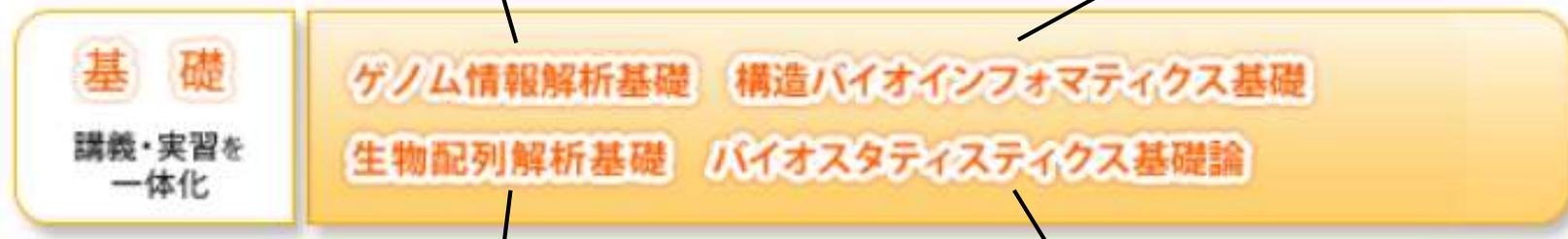
基礎



主にバイオインフォマティクスを利用した研究経験のない方を対象としています。生命科学のための各種データベースの利用法やバイオインフォマティクスを利用した様々なツールの利用法、統計の基礎を学ぶことができます。

Rを用いた塩基配列解析の基礎、ゲノムアセンブリ、遺伝子予測、NGS、small RNA解析

立体構造DB、X線結晶構造解析、NMR、構造予測



生命科学系データベース(DB)、ホモロジー検索、モチーフ解析、Perlプログラミング、系統樹推定

統計(回帰分析、分散分析、主成分分析、クラスター解析)、R

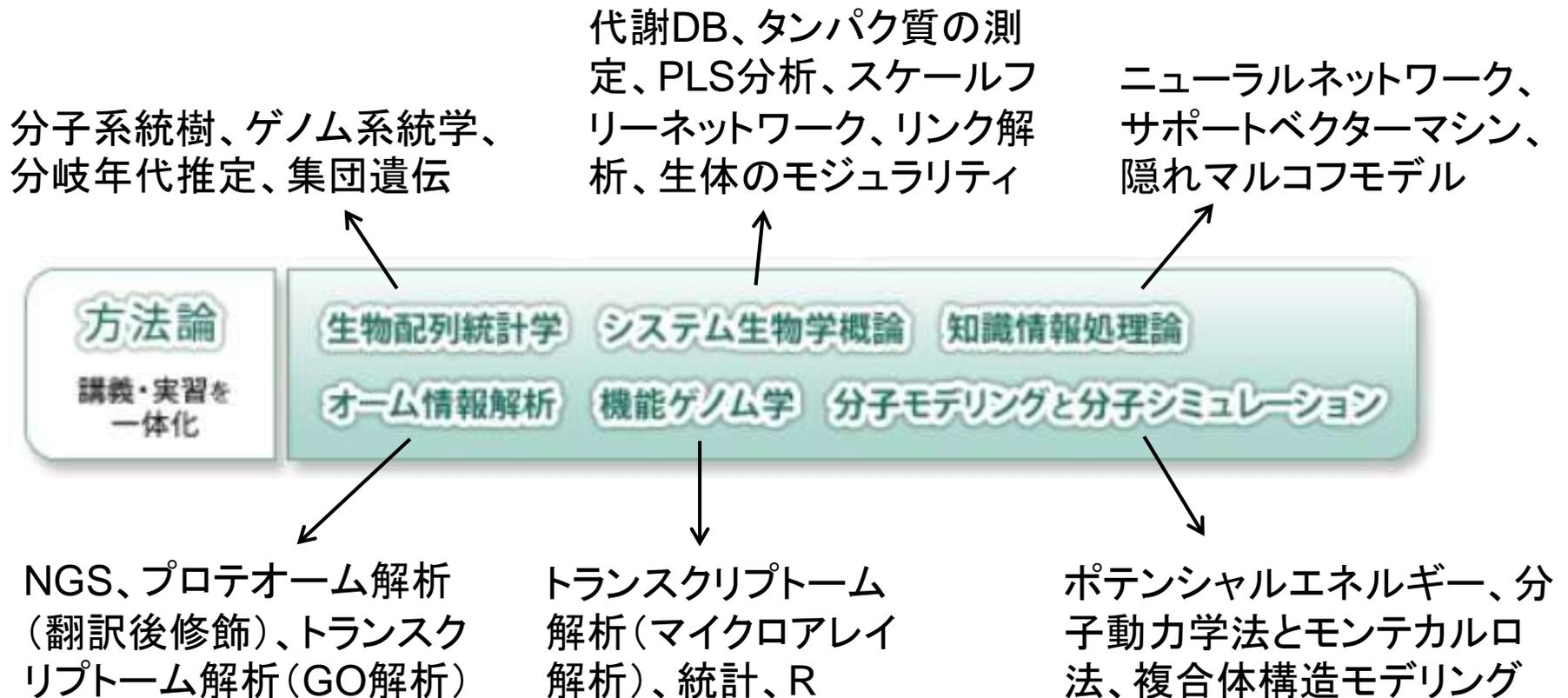
教育プログラム

②方法論の科目の平均受講者数は42.8名。開催期間は概ね5-7月。

方法論



「基礎」の科目を土台として、様々な実験手法（マイクロアレイなどの網羅的遺伝子発現解析法、質量分析法、二次元電気泳動法など）や計算機的手法（パターン認識や機械学習、統計モデルやモデル選択、分子シミュレーション法、データ正規化や多重比較問題への対処）について解説します。



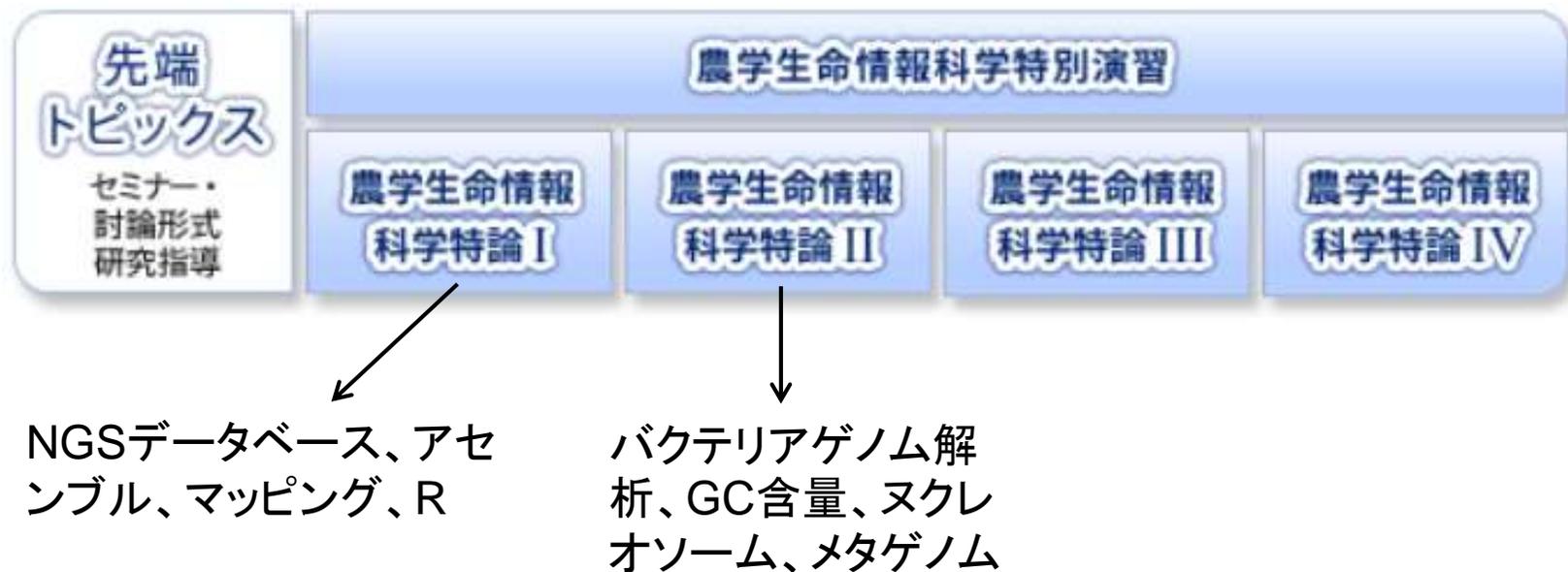
教育プログラム

③先端トピックスの2科目の平均受講者数は25.9名。開催期間は概ね7-9月。

先端トピックス



企業や大学の研究者が、それぞれの最先端の研究課題について講義を行います。先端トピックスの講義を通じて、バイオインフォマティクスの実際の活用例に触れることで、個々の研究課題へのフィードバックを目指します。また、特別演習を通じて、本プログラム専任教員による研究指導を受けることができます。



アグリバイオは、フリーソフトウェアRを使う講義科目が多いのが特徴(といわれる)

Rを多くの講義で利用

先端
トピックス

セミナー・
討論形式
研究指導

農学生命情報科学特別演習

農学生命情報
科学特論 I

農学生命情報
科学特論 II

農学生命情報
科学特論 III

農学生命情報
科学特論 IV

方法論

講義・実習を
一体化

生物配列統計学

システム生物学概論

知識情報処理論

オーム情報解析

機能ゲノム学

分子モデリングと分子シミュレーション

基礎

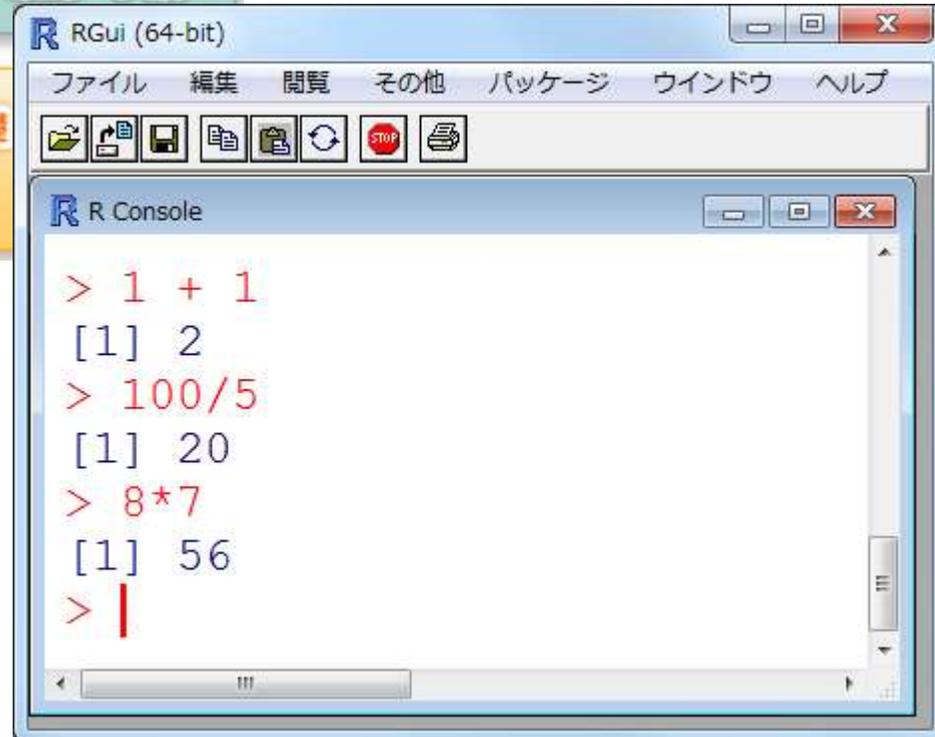
講義・実習を
一体化

ゲノム情報解析基礎

構造バイオインフォマティクス基礎

生物配列解析基礎

バイオスタティクス基礎論



```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ
[Icons]
R Console
> 1 + 1
[1] 2
> 100/5
[1] 20
> 8*7
[1] 56
> |
```

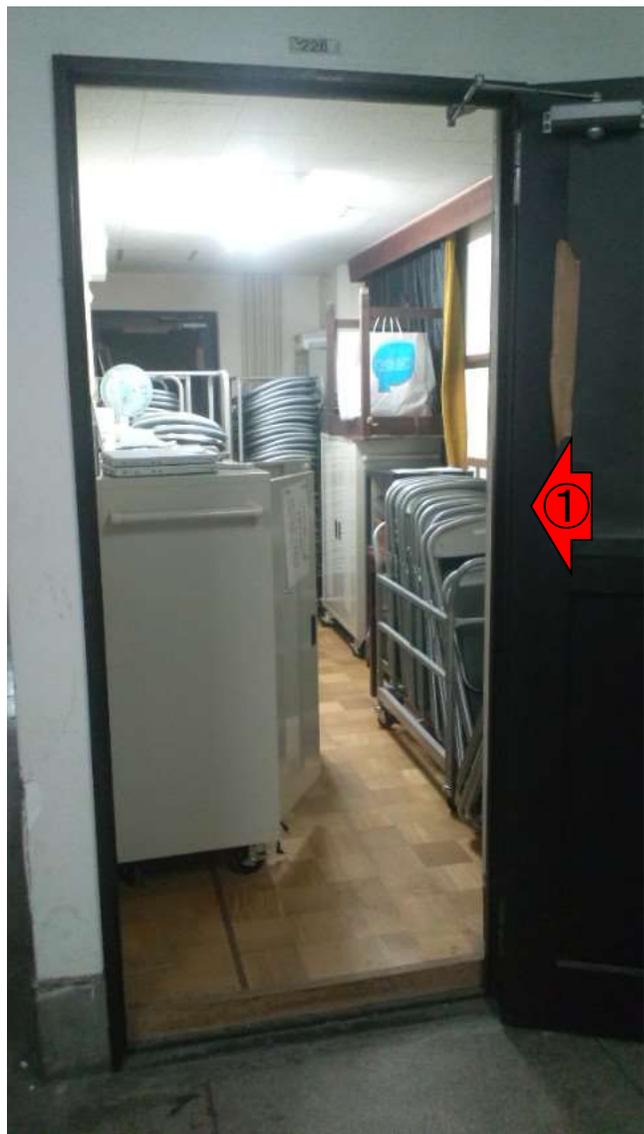
ハンズオン講義風景

インターネット接続は無線LAN。一回の講義は約3時間(2コマ連続)。バッテリー駆動にすることでOAタップ配線の労力を省いている。



ノートPC保管場所は

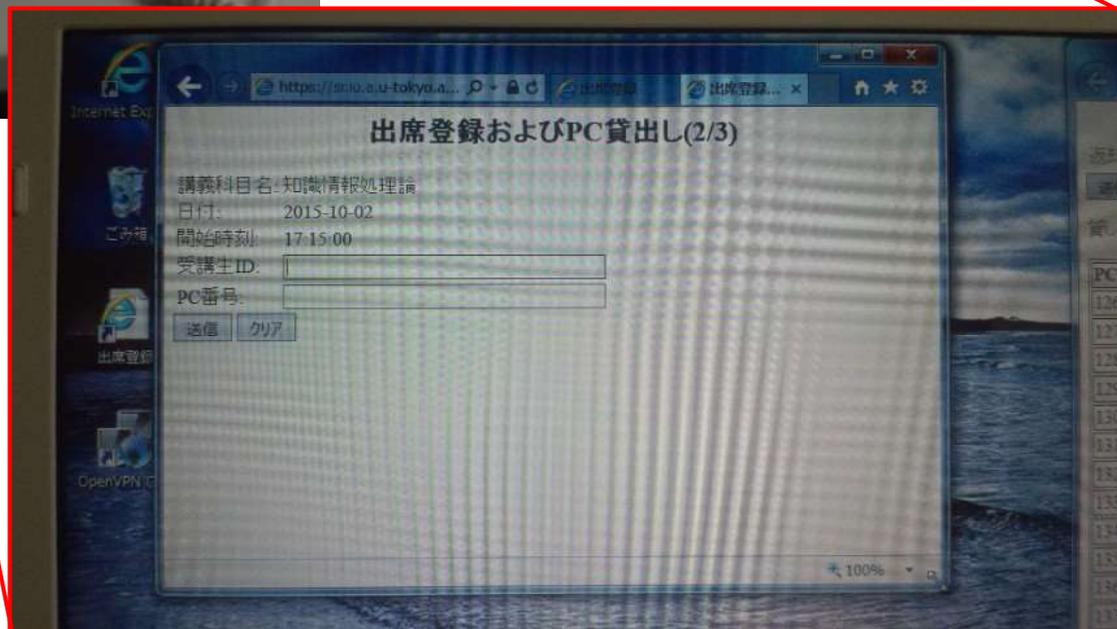
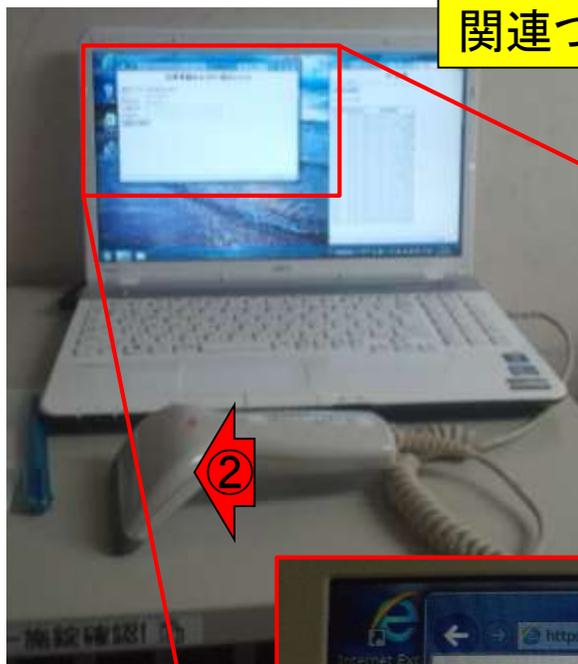
①講義室後方の小部屋(旧映写室)に、②PCを24台収容可能なPC用キャビネットを3つ配置。翌日の講義に備え、講義後に充電して帰宅。



出席はバーコード管理

受講生には、バーコード付きの受講証を発行。

- ①受講生はこの講義室後方の小部屋にて、
- ②バーコードリーダーで読み取り、貸与PCと関連づけて貸し出す。



①2011年以前の46台は、3時間の講義後半でぞくぞくとバッテリー切れに…

保有PCの劣化が深刻



- Panasonic Let's noteシリーズ (Windows 7以降)

発売年	機種	メモリ	台数
2015	CF-SX4	8G	18
2014	CF-SX3	8G	28
2013	CF-SX2	8G	26
2011	CF-S10	8G	6
2010	CF-F9	4G	40
		計	118

} ①

ハンズオン講義風景

講義の度にOAタップの配線を行えばどうにかなるが…。受講人数の多い年度初めに2回やりましたが、それだけでもヘロヘロでした。



数名講義補助がいますが、それでも100人以上のハンズオンはアリエナイ規模。

自己紹介 (アグリバイオインフォマティクス)

学歴および職歴

- 2002年3月 東京大学・大学院農学生命科学研究科 博士課程修了
- 2002年4月 産業技術総合研究所・生命情報科学研究センター
- 2003年11月 放射線医学総合研究所・先端遺伝子発現研究センター
- 2005年2月~ 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人材養成プログラム (科学技術振興調整費: 2004/10-2009/3)
 アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム (特別教育研究経費: 2009/4~2014/3)

アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム

- 他大学の学生や社会人も受講できる、希少なバイオインフォ教育プログラム

年度	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	108	152
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	24	24
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	55	32
合計	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	187	208
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0
門田担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20



ビッグデータといえは

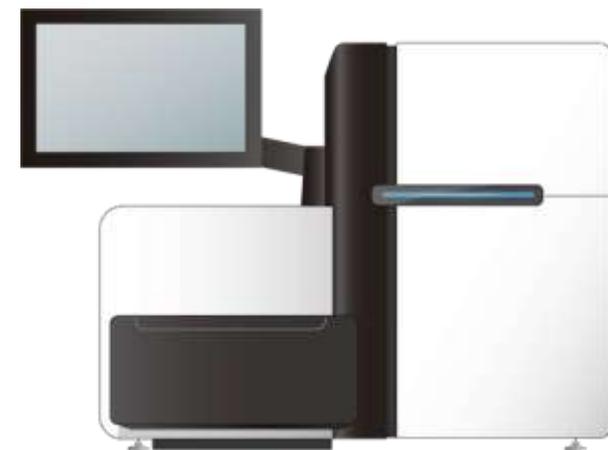
次世代シーケンサ (Next-Generation Sequencer; New Generation Sequencer; NGS) を多くのヒトがイメージします。



PacBio RS II



Illumina MiSeq



Illumina HiSeq

NGSデータ解析戦略

- 解析受託企業に外注: Linuxコマンドを知らなくてもよい
 -  ngs 受託解析
- クラウド(ウェブツール): Linuxコマンドを知らなくてもよい
 - DDBJ Pipeline
 - Illumina BaseSpace
 - Galaxy
 - …
- Linuxコマンドを駆使(旧来型)
 - なるべく自力で解析
 - LinuxコマンドやNGS解析用プログラムのインストールなどを練習し、スパコンを使いこなす
 - NBDC/東大アグリバイオの「NGSハンズオン講習会」の方向性

NGS用カリキュラム

H26年3月にNBDCによって、NGS解析に特化した「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム(次世代シーケンサ)」が策定された。

The screenshot shows the homepage of the National Bioscience Database Center (NBDC). The header includes the NBDC logo, the text "National Bioscience Database Center", and the Japanese name "バイオサイエンスデータベースセンター". There are navigation links for "English", "サイトマップ", and "サイト内検索". A search bar is also present. The main navigation menu includes "ホーム", "NBDCについて", "研究開発", "公募情報", "採用情報", "広報", "人材支援", "お問い合わせ", and "リンク". The breadcrumb trail is "Home > 人材支援 > 支援 > 講習会". The main content area is titled "バイオインフォマティクス人材育成のための講習会" and has a sub-section "NGS解析". The text describes the curriculum and lists three items: "● 人材育成分科会で策定したカリキュラム", "● H26年度NGS速習コース講習会 (2014年9月1日~12日)", and "● H27年度NGSハンズオン講習会 (2015年7月22日~8月6日)". A red arrow with the number "1" points to the first item.

Home > 人材支援 > 支援 > 講習会

バイオインフォマティクス人材育成のための講習会

NGS解析

ライフサイエンス分野の研究現場においては、莫大・多様な研究データが産出され、取り扱うデータ量が飛躍的に増えています。一方で、それらのデータを整備・活用するための人材は不足している状況です。そのような研究現場の状況を踏まえ、NBDC運営委員会人材育成分科会において、研究データを整備・活用するバイオインフォマティクス人材を育成するためのカリキュラムに基づき実施した講習会です。本カリキュラムは、対応が急務であると思われる次世代シーケンサデータに焦点をあてた内容となっております。

- 人材育成分科会で策定したカリキュラム
 - バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム (次世代シーケンサ)
 - カリキュラムで習得できる技能
 - カリキュラム フロー図
- H26年度NGS速習コース講習会 (2014年9月1日~12日)
- H27年度NGSハンズオン講習会 (2015年7月22日~8月6日)

NGS用カリキュラム

カリキュラムは、最低限必要とされる知識・技術を2週間程度で身につけることを想定した「速習」と、時間をかけて習得することを想定した「速習以外」に分かれている。

大項目	日数	No.	項目	習得技術	初級	中級	上級
1. コンピュータリテラシーとサーバー設計	4日	2日	1-1 OS, ハード構成	・コンピュータの基本の理解			
			1-2 ネットワーク基礎	・インターネット、セキュリティの基本の理解	初級	講義	
			1-3 UNIX I	・UNIXの基礎の理解 ・Linux導入	中級	実習	
	2日	1-4 スクリプト言語	・Perl ・シェルスクリプト	中級	実習		
2. 配列インフォマティクス	1日	2-1 配列解析基礎	・配列、ゲノムデータ記述のフォーマット、アラインメント(DP)、データベース検索(BLAST, BLAT)等の基礎的な配列比較解析の原理と実習	初級	実習		
		2-2 バイオ系データベース概論	・基本的な各種バイオ系データベースの理解、統合DBの利用法	初級	実習		
3. データ解析基礎	2日	3-1 R 基礎1	・R言語の基礎(インストールから利用まで)	初級	実習		
		3-2 R 基礎2	・ファイルの読み込み、行列演算の基本	初級	実習		
		3-3 R 各種パッケージ	・Rの各種パッケージのインストール法と代表的なパッケージの利用法	中級	実習		
		3-4 R bioconductor I	・bioconductorの利用法	中級	実習		
		3-5 R bioconductor II	・FASTA and FASTQ形式ファイルの読み込み。ファイル形式の変換(FASTQ → FASTA)、クオリティチェック、リード配列長分布、フィルタリングやトリミング、GC含量計算など	中級	実習		
4. 次世代シーケンサ	0.25日	4-1 次世代シーケンサ基礎I	・原理の理解	初級	講義		
		4-2 次世代シーケンサ基礎II	・応用分野とそのための計測技術の理解(RNA-seq, ChIP-seq, がんゲノム, 個人ゲノム, 環境ゲノム, Hi-C)	初級	講義		
	0.5日	4-3 次世代シーケンサ実習I	・ファイル形式、可視化、quality check、マッピング、アセンブル	初級	実習		
	1.5日	4-4 次世代シーケンサ実習II	・代表的なパイプラインについての実習(多型解析(IGV)、RNA-seq、ChIP-seq、及び統合解析、定番のツールを利用)	初級	実習		
5. ゲノム関連の倫理・法律	0.5日	5-1	ゲノム情報倫理概論	・ゲノム情報を扱う上で、プライバシー保護などの必要な倫理的問題、法的問題の国内外の状況を理解し、ゲノム情報を適切に利用できるようにする ・匿名化、暗号化、情報セキュリティ概要	初級	講義	
6. 分子生命科学	0.5日	6-1	分子生命科学概論	・複製、転写、翻訳、代謝、シグナル伝達などの基礎知識	初級	講義	
		6-2	オミクス概論	・ゲノム以外のオミクスデータの基礎知識	初級	講義	
		6-3	遺伝/進化概論	・ゲノムデータを扱う上での遺伝学、進化学の基礎知識	初級	講義	

平成26年9月に、終日2週間ぶっ
通し(土日除く)で講習会を開催。

NGS速習コース講習会

 **NBDC**
National Bioscience Database Center

- 散在するデータベースを、まとめて、使い易く -
バイオサイエンスデータベースセンター

English サイトマップ サイト内検索 検索... 検索

ホーム NBDCについて 研究開発 公募情報 採用情報 広報 人材支援 お問い合わせ リンク

Home ▶ 人材支援 ▶ 支援 ▶ 講習会

バイオインフォマティクス人材育成のための講習会

NGS解析

ライフサイエンス分野の研究現場においては、莫大・多様な研究データが産出され、取り扱うデータ量が飛躍的に増えています。一方で、それらのデータを整備・活用するための人材は不足している状況です。そのような研究現場の状況を踏まえ、NBDC運営委員会人材育成分科会において、研究データを整備・活用するバイオインフォマティクス人材を育成するためのカリキュラムに基づき実施した講習会です。本カリキュラムは、対応が急務であると思われる次世代シーケンサデータに焦点をあてた内容となっております。

- [人材育成分科会で策定したカリキュラム](#)

[バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム \(次世代シーケンサ\)](#)

[カリキュラムで習得できる技能](#)

[カリキュラム フロー図](#)

- [H26年度NGS速習コース講習会 \(2014年9月1日～12日\)](#) ①
- [H27年度NGSハンズオン講習会 \(2015年7月22日～8月6日\)](#)

NGS速習コース講習会

■平成26年度NGS速習コース講習会（2014年9月1日～12日）

「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム（次世代シーケンサ）」の速習部分について、講習会を開催しました。

H26年度概要

H26年度講義日程・参考資料

H26年度講習会時の情報については[こちら](#)もご覧ください。

H26年度講義資料・動画

●講習会実施報告書（PDFファイル：3.7MB）

●講師資料・動画



実施日	実施時間	大項目	項目番号および項目	レベル	形式	担当講師（敬称略）	講義資料・動画
9月1日	10:40-12:00	1.コンピュータリ テラシー とサーバー設計	1-1. OS、ハード構成	初級	講義	中村 保一 (DDBJ)	統合TV
	13:15-14:45		1-2. ネットワーク基礎				
	15:00-16:30		1-3. UNIX I	初級	実習	仲里 猛留 (DBCLS)	統合TV
	16:45-18:15						
9月2日	10:30-12:00			中級	実習	仲里 猛留 (DBCLS)	統合TV
	13:15-14:45						
	15:00-16:30						
	16:45-18:15						
9月3日	10:30-12:00		1-4. スクリプト言語	中級	実習	服部 恵美(アメリエ ズ)	統合TV

NGS速習コース講習会

①報告書はこちら。実際に受けたヒトの感想や要望・不満をそのままコピペで掲載。世話人が都合よくプレゼンするよりも、こちらを眺めるほうがより客観的かも。

■平成26年度NGS速習コース講習会（2014年9月1日～12日）

「バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム（次世代シーケンサ）」の速習部分について、講習会を開催しました。

H26年度概要

H26年度講義日程・参考資料

H26年度講習会時の情報については[こちら](#)もご覧ください。

H26年度講義資料・動画

●講習会実施報告書（PDFファイル：3.7MB）

①

●講師資料・動画

実施日	実施時間	大項目	項目番号および項目	レベル	形式	担当講師（敬称略）	講義資料・動画
9月1日	10:40-12:00	1.コンピュータリテラシーとサーバー設計	1-1. OS、ハード構成	初級	講義	中村 保一 (DDBJ)	統合TV
	13:15-14:45		1-2. ネットワーク基礎				
	15:00-16:30		1-3. UNIX I	初級	実習	仲里 猛留 (DBCLS)	統合TV
	16:45-18:15						
9月2日	10:30-12:00			中級	実習	仲里 猛留 (DBCLS)	統合TV
	13:15-14:45						
	15:00-16:30						
	16:45-18:15						
9月3日	10:30-12:00		1-4. スクリプト言語	中級	実習	服部 恵美(アメリエズ)	統合TV

NGS速習コース講習会

実際の講義日程、項目、内容の全貌。講義の時間配分はほぼカリキュラム通り。

実施日	実施時間	項目番号および項目	レベル	形式	担当講師(所属)
9月1日	10:40-12:00	1-1. OS、ハード構成	初級	講義	中村保一(DDBJ)
	13:15-14:45	1-2. ネットワーク基礎	初級	講義	中村保一(DDBJ)
	15:00-18:15	1-3. UNIX I	初級	実習	仲里猛留(DBCLS)
9月2日	10:30-18:15	1-3. UNIX I	中級	実習	仲里猛留(DBCLS)
9月3日	10:30-18:15	1-4. スクリプト言語(シェルスクリプト)	中級	実習	服部恵美(Amelieff)
9月4日	10:30-18:15	1-4. スクリプト言語(Perl)	中級	実習	服部恵美(Amelieff)
9月5日	10:30-14:45	2-1. 配列解析基礎	初級	実習	坊農秀雅(DBCLS)
	15:00-18:15	2-2. バイオ系データベース概論	初級	実習	小野浩雅(DBCLS)
9月8日	10:30-12:00	3-1. R基礎1	初級	実習	門田幸二(東京大学)
	13:15-14:45	3-2. R基礎2	初級	実習	門田幸二(東京大学)
	15:00-18:15	3-3. R各種パッケージ	中級	実習	門田幸二(東京大学)
9月9日	10:30-14:45	3-4. R Bioconductor I	中級	実習	門田幸二(東京大学)
	15:00-18:15	3-5. R Bioconductor II	中級	実習	門田幸二(東京大学)
9月10日	10:30-12:00	4-1. 次世代シーケンサ基礎I	初級	講義	倉田哲也(NAIST)
	13:15-14:45	4-2. 次世代シーケンサ基礎II	初級	講義	倉田哲也(NAIST)
	15:00-18:15	4-3. 次世代シーケンサ実習I	初級	実習	山口昌雄(Amelieff)
9月11日	10:30-14:45	4-4. 次世代シーケンサ実習II (ChIP-seq)	初級	実習	河岡慎平(ATR)
	15:00-16:30	6. 分子生命科学	初級	講義	河岡慎平(ATR)
	16:45-18:15	5-1. ゲノム情報倫理概論	初級	講義	箕輪真理(NBDC) 川嶋実苗(NBDC)
9月12日	10:30-14:45	4-4. 次世代シーケンサ実習II (多型解析)	初級	実習	山口昌雄(Amelieff)
	15:00-18:15	4-4. 次世代シーケンサ実習II (RNA-seq)	初級	実習	山口昌雄(Amelieff)

全部ハンズオン講義(実習)形式にして!もちろん個別の講師への不満ではなく、カリキュラム改善要望

受講生の要望・不満

実施日	実施時間	項目番号および項目	レベル	形式	担当講師(所属)
9月1日	10:40-12:00	1-1. OS、ハード構成	初級	講義	中村保一(DDBJ)
	13:15-14:45	1-2. ネットワーク基礎	初級	講義	中村保一(DDBJ)
	15:00-18:15	1-3. UNIX I	初級	実習	仲里猛留(DBCLS)
9月2日	10:30-18:15	1-3. UNIX I	中級	実習	仲里猛留(DBCLS)
9月3日	10:30-18:15	1-4. スクリプト言語(シェルスクリプト)	中級	実習	服部恵美(Amelieff)
9月4日	10:30-18:15	1-4. スクリプト言語(Perl)	中級	実習	服部恵美(Amelieff)
9月5日	10:30-14:45	2-1. 配列解析基礎	初級	実習	坊農秀雅(DBCLS)
	15:00-18:15	2-2. バイオ系データベース概論	初級	実習	小野浩雅(DBCLS)
9月8日	10:30-12:00	3-1. R基礎1	初級	実習	門田幸二(東京大学)
	13:15-14:45	3-2. R基礎2	初級	実習	門田幸二(東京大学)
	15:00-18:15	3-3. R各種パッケージ	中級	実習	門田幸二(東京大学)
9月9日	10:30-14:45	3-4. R Bioconductor I	中級	実習	門田幸二(東京大学)
	15:00-18:15	3-5. R Bioconductor II	中級	実習	門田幸二(東京大学)
9月10日	10:30-12:00	4-1. 次世代シーケンサ基礎I	初級	講義	倉田哲也(NAIST)
	13:15-14:45	4-2. 次世代シーケンサ基礎II	初級	講義	倉田哲也(NAIST)
	15:00-18:15	4-3. 次世代シーケンサ実習I	初級	実習	山口昌雄(Amelieff)
9月11日	10:30-14:45	4-4. 次世代シーケンサ実習II (ChIP-seq)	初級	実習	河岡慎平(ATR)
	15:00-16:30	6. 分子生命科学	初級	講義	河岡慎平(ATR)
	16:45-18:15	5-1. ゲノム情報倫理概論	初級	講義	箕輪真理(NBDC) 川嶋実苗(NBDC)
9月12日	10:30-14:45	4-4. 次世代シーケンサ実習II (多型解析)	初級	実習	山口昌雄(Amelieff)
	15:00-18:15	4-4. 次世代シーケンサ実習II (RNA-seq)	初級	実習	山口昌雄(Amelieff)

計10日分を10人で担当。講師数が増えるほど全体の連携は低下傾向に...

受講生の要望・不満

実施日	実施時間	項目番号および項目	レベル	形式	担当講師(所属)
9月1日	10:40-12:00	1-1. OS、ハード構成	初級	講義	中村保一(DDBJ)
	13:15-14:45	1-2. ネットワーク基礎	初級	講義	中村保一(DDBJ)
	15:00-18:15	1-3. UNIX I	初級	実習	仲里猛留(DBCLS)
9月2日	10:30-18:15	1-3. UNIX I	中級	実習	仲里猛留(DBCLS)
9月3日	10:30-18:15	1-4. スクリプト言語(シェルスクリプト)	中級	実習	服部恵美(Amelieff)
9月4日	10:30-18:15	1-4. スクリプト言語(Perl)	中級	実習	服部恵美(Amelieff)
9月5日	10:30-14:45	2-1. 配列解析基礎	初級	実習	坊農秀雅(DBCLS)
	15:00-18:15	2-2. バイオ系データベース概論	初級	実習	小野浩雅(DBCLS)
9月8日	10:30-12:00	3-1. R基礎1	初級	実習	門田幸二(東京大学)
	13:15-14:45	3-2. R基礎2	初級	実習	門田幸二(東京大学)
	15:00-18:15	3-3. R各種パッケージ	中級	実習	門田幸二(東京大学)
9月9日	10:30-14:45	3-4. R Bioconductor I	中級	実習	門田幸二(東京大学)
	15:00-18:15	3-5. R Bioconductor II	中級	実習	門田幸二(東京大学)
9月10日	10:30-12:00	4-1. 次世代シーケンサ基礎I	初級	講義	倉田哲也(NAIST)
	13:15-14:45	4-2. 次世代シーケンサ基礎II	初級	講義	倉田哲也(NAIST)
	15:00-18:15	4-3. 次世代シーケンサ実習I	初級	実習	山口昌雄(Amelieff)
9月11日	10:30-14:45	4-4. 次世代シーケンサ実習II (ChIP-seq)	初級	実習	河岡慎平(ATR)
	15:00-16:30	6. 分子生命科学	初級	講義	河岡慎平(ATR)
	16:45-18:15	5-1. ゲノム情報倫理概論	初級	講義	箕輪真理(NBDC) 川嶋実苗(NBDC)
9月12日	10:30-14:45	4-4. 次世代シーケンサ実習II (多型解析)	初級	実習	山口昌雄(Amelieff)
	15:00-18:15	4-4. 次世代シーケンサ実習II (RNA-seq)	初級	実習	山口昌雄(Amelieff)

NGSハンズオン講習会



- 散在するデータベースを、まとめて、使い易く -

バイオサイエンスデータベースセンター

English サイトマップ サイト内検索

独立研究開発法人
科学技術振興機構
JST
文字サイズ変更

ホーム
NBDCについて
研究開発
公募情報
採用情報
広報
人材支援
お問い合わせ
リンク

Home ▶ 人材支援 ▶ 支援 ▶ 講習会

バイオインフォマティクス人材育成のための講習会

NGS解析

ライフサイエンス分野の研究現場においては、莫大・多様な研究データが産出され、取り扱うデータ量が飛躍的に増えています。一方で、それらのデータを整備・活用するための人材は不足している状況です。そのような研究現場の状況を踏まえ、NBDC運営委員会人材育成分科会において、研究データを整備・活用するバイオインフォマティクス人材を育成するためのカリキュラムに基づき実施した講習会です。本カリキュラムは、対応が急務であると思われる次世代シーケンサデータに焦点をあてた内容となっております。

- [人材育成分科会で策定したカリキュラム](#)

[バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム \(次世代シーケンサ\)](#)

[カリキュラムで習得できる技能](#)

[カリキュラム フロー図](#)

- [H26年度NGS速習コース講習会 \(2014年9月1日~12日\)](#)
- [H27年度NGSハンズオン講習会 \(2015年7月22日~8月6日\)](#) ①

NGSハンズオン講習会

受講生の要望に応じて…①講師数を減らし
項目間の連携強化。②Python追加。③NGS
解析部分を増加(2.5から4日分)。④統計解析
追加。⑤ハンズオンのみ。⑥予備日の確保。

- 7月22日(水): Bio-Linux 8とRのインストール状況確認。基本自習(門田・寺田 透先生)
- 7月23日(木): Linux基礎。LinuxコマンドなどUNIXの基礎の理解(門田)
- 7月24日(金): スクリプト言語。シェルスクリプト(アメリエフ株式会社 服部恵美先生)
- 7月27日(月): スクリプト言語。Perl(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月28日(火): スクリプト言語。**Python**(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月29日(水): データ解析環境R(門田)
- 7月30日(木): データ解析環境R(門田)
- 8月3日(月): NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月4日(火): NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月5日(水): NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリエフ 山口昌雄先生、後半:門田)
- 8月6日(木): NGS解析。ChIP-seq(理研 森岡勝樹先生)
- 8月26日(水): 予備日
- 8月27日(木): 予備日
- 8月28日(金): 予備日

申込者数(5/15締切時点)

最も受講希望が多かった8/3-5の項目(113名、110名、113名)を8/26-28の予備日に開催して分散。

- 7月22日(水):85名。Bio-Linux 8とRのインストール状況確認。基本自習(門田・寺田 透先生)
- 7月23日(木):93名。Linux基礎。LinuxコマンドなどUNIXの基礎の理解(門田)
- 7月24日(金):86名。スクリプト言語。シェルスクリプト(アメリエフ株式会社 服部恵美先生)
- 7月27日(月):94名。スクリプト言語。Perl(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月28日(火):90名。スクリプト言語。Python(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月29日(水):96名。データ解析環境R(門田)
- 7月30日(木):98名。データ解析環境R(門田)
- 8月3日(月):113名。NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月4日(火):110名。NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月5日(水):113名。NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリエフ 山口先生、後半:門田)
- 8月6日(木):104名。NGS解析。ChIP-seq(理研 森岡勝樹先生)
- 8月26日(水):予備日
- 8月27日(木):予備日
- 8月28日(金):予備日



申込者数(5/15締切時点)

最も受講希望が多かった8/3-5の項目(113名、110名、113名)を8/26-28の予備日に開催して分散。

- 7月22日(水):85名。Bio-Linux 8とRのインストール状況確認。基本自習(門田・寺田 透先生)
- 7月23日(木):93名。Linux基礎。LinuxコマンドなどUNIXの基礎の理解(門田)
- 7月24日(金):86名。スクリプト言語。シェルスクリプト(アメリエフ株式会社 服部恵美先生)
- 7月27日(月):94名。スクリプト言語。Perl(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月28日(火):90名。スクリプト言語。Python(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月29日(水):96名。データ解析環境R(門田)
- 7月30日(木):98名。データ解析環境R(門田)
- 8月3日(月):87名。NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月4日(火):84名。NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月5日(水):85名。NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリエフ 山口先生、後半:門田)
- 8月6日(木):104名。NGS解析。ChIP-seq(理研 森岡勝樹先生)
- 8月26日(水):26名。NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月27日(木):26名。NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月28日(金):28名。NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリエフ 山口先生、後半:門田)

申込者数(7/22開催時点)

- 7月22日(水):81名。Bio-Linux 8とRのインストール状況確認。基本自習(門田・寺田 透先生)
- 7月23日(木):86名。Linux基礎。LinuxコマンドなどUNIXの基礎の理解(門田)
- 7月24日(金):80名。スクリプト言語。シェルスクリプト(アメリエフ株式会社 服部恵美先生)
- 7月27日(月):84名。スクリプト言語。Perl(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月28日(火):83名。スクリプト言語。Python(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月29日(水):80名。データ解析環境R(門田)
- 7月30日(木):85名。データ解析環境R(門田)
- 8月3日(月):82名。NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月4日(火):77名。NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月5日(水):78名。NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリエフ 山口先生、後半:門田)
- 8月6日(木):95名。NGS解析。ChIP-seq(理研 森岡勝樹先生)
- 8月26日(水):24名。NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月27日(木):25名。NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月28日(金):28名。NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリエフ 山口先生、後半:門田)

申込者数→受講者数

A日程

- 7月22日(水): 81→59名。Bio-Linux 8とRのインストール状況確認。基本自習(門田・寺田先生)
- 7月23日(木): 86→67名。Linux基礎。LinuxコマンドなどUNIXの基礎の理解(門田)
- 7月24日(金): 80→69名。スクリプト言語。シェルスクリプト(アメリエフ株式会社 服部恵美先生)
- 7月27日(月): 84→67名。スクリプト言語。Perl(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月28日(火): 83→64名。スクリプト言語。Python(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月29日(水): 80→68名。データ解析環境R(門田)
- 7月30日(木): 85→68名。データ解析環境R(門田)
- 8月3日(月): 82→71名。NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月4日(火): 77→59名。NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月5日(水): 78→65名。NGS解析。RNA-seq、統計解析(アメリエフ 山口先生、門田)
- 8月6日(木): 95→71名。NGS解析。ChIP-seq(理研 森岡勝樹先生)

- 8月26日(水): 24→32名。NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月27日(木): 25→29名。NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月28日(金): 28→33名。NGS解析。RNA-seq、統計解析(アメリエフ 山口先生、門田)

B日程

講習会では1日だけが...

受講希望者には、一週間程度はかかるかなり厳しい事前準備や予習を要求し、Linuxコマンドがある程度使えることを前提として①7/23のハンズオン講義を行った。

- 7月22日(水): 81→59名。Bio-Linux 8とRのインストール状況確認。
- 7月23日(木): 86→67名。Linux基礎。LinuxコマンドなどUNIXの基礎の理解(門田) ①
- 7月24日(金): 80→69名。スクリプト言語。シェルスクリプト(アメリエフ株式会社 服部恵美先生)
- 7月27日(月): 84→67名。スクリプト言語。Perl(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月28日(火): 83→64名。スクリプト言語。Python(アメリエフ 服部恵美先生) ①
- 7月29日(水): 80→68名。デ
- 7月30日(木): 85→68名。デ
- 8月3日(月): 82→71名。NGS
- 8月4日(火): 77→59名。NGS
- 8月5日(水): 78→65名。NGS
- 8月6日(木): 95→71名。NGS
- 8月26日(水): 24→32名。NGS
- 8月27日(木): 25→29名。NGS
- 8月28日(金): 28→33名。NGS



まとめ1

■ 時代はハンズオン

- 受講生の多くは、聞くだけの講義を必要とはしていない。
- 講義映像の公開を前提としていても、エラー遭遇時にその場で質問できるのがありがたいらしい。

■ 受講人数規模によって教えられる内容は異なる

- 受講人数が多いと、クラウド(ウェブツール)系実習は困難。悩ましいところ
- 講義補助員(TA)の確保は必須
 - アグリバイオ大学院講義では、TAが数名のみなのでRを中心として教えざるをえない
 - NGSハンズオン講習会では、TA数名のみでLinuxを教えられたが、やる気があり且つ予習をきっちり行ってきた受講生の割合が多かったため。

■ 設備(ノートPC)の劣化は深刻

- スタッフを増やすか、4年で完全にリプレイス可能な予算規模の確保

まとめ2

■ 理想的な講義体制

- 少人数の講師
 - 講義内容の重複を避けられる
 - 一貫した講義のノリ

■ 研究と教育(講義)のバランス

- 教育の比重を高くせざるを得ないため、研究できる状況にない
- H26年度のNGS速習コース講習会(10日間)
 - 自分の担当は2日間。
 - 全体統括(事前準備や他の講師の補助)、報告書の作成などで実質的に3か月分ほどを費やす。
- H27年度のNGSハンズオン講習会(14日間)
 - 自分の担当は4日間。NGS分野の進展に合わせてほぼ新規作成。
 - ポスドクさんがいなくなった分の仕事(PC関連作業)も担当。

「講義や講習会などのアウトリーチも(手を抜いて)やった実績(だけ)を増やす → 研究時間確保 → 業績増加 → 研究費獲得 → …」
とは対極の方向性で(やらざるを得ない状況なので)、行けるところまで行くのみ！

Rで...

①と②のウェブページは、よりよいデータ解析のための指南書、ノウハウ集、リンク集のようなもの。③講義や講演資料などの各種教材も含む。

① (Rで)マイクロアレイデータ解析

(last modified 2015/01/16, since 2005)

What's new?

- ・ 門田幸二 著 **シリーズ Useful R 第7巻** **トランスクリプトーム解析** 刊行(共立出版)。マイクロアレイ解析に関する最近の知見や、ROKU法 (Kadota et al., 2006)、WAD法 (Kadota et al., 2008) などについての解説も含まれています。書籍中のマイクロアレイ解析部分のRコードについては、このページの「書籍 | トランスクリプトーム解析」に掲載してあります。(2014/04/27)
- ・ お知らせは主に **(Rで)塩基配列解析** で行ってお資料なども **(Rで)塩基配列解析** 中の **参考資料**

② (Rで)塩基配列解析

~NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、バイオインフォマティクス~
(last modified 2015/09/25, since 2011)

What's new?

- ・ このウェブページは **インストール** についての推奨手順 (**Windows2015.04.04版**と**Macintosh2015.04.03版**)に従ってフリーソフトRと必要なパッケージをインストール済みであるという前提で記述しています。初心者の方は **基本的な利用法** (**Windows2015.04.03版**と**Macintosh2015.04.03版**)で自習してください。本ウェブページを体系的にまとめた **書籍** もあります。(2015/04/03)
- ・ **日本乳酸菌学会誌**のNGS関連連載の**第4回分ウェブ資料PDF**において、2015年9月18日に別のノートPCで、共有フォルダ関連の「sudo apt-get install dkms」(W4-5-2)実行時にエラーに遭遇したので、対処法を記載しました。(2015/09/18) **NEW**
- ・ **sample1.fastq**のようなコンティグ数が1つしかない場合に、`rowSums(x)`の計算時にエラーが出るのがわかったので、該当箇所を`apply(as.matrix(x), 1, sum)`のような感じに変更しました。(2015/09/12)
- ・ **NGSハンズオン講習会2015**のアメリカ様分(服部先生と山口先生)の講義資料を差し替えました。(2015/09/03)

- ・ **はじめに** (last modified 2015/03/31)
- ・ **参考資料** (講義、講習会、本など) (last modified 2015/09/09)
- ・ **過去のお知らせ** (last modified 2015/09/09) **NEW**
- ・ **インストール** | について (last modified 2015/04/04)
- ・ インストール | R本体 | 最新版 | **Win用** (last modified 2015/03/22) 推奨
- ・ インストール | R本体 | 最新版 | **Mac用** (last modified 2015/04/22) 推奨
- ・ インストール | R本体 | 過去版 | **Win用** (last modified 2015/03/22)
- ・ インストール | R本体 | 過去版 | **Mac用** (last modified 2015/03/22)
- ・ インストール | Rパッケージ | **ほぼ全て(20GB以上?)** (last modified 2015/05/25)
- ・ インストール | Rパッケージ | **必要最小限プラスアルファ(数GB?)** (last modified 2015/07/24) 推奨
- ・ インストール | Rパッケージ | **必要最小限プラスアルファ(アグリバイオ 居室のみ)** (last modified 2015/06/16) [トップページへ](#)
- ・ インストール | Rパッケージ | **必要最小限(数GB?)** (last modified 2015/05/25)



謝辞

- 科学技術振興機構バイオサイエンスデータベースセンター(JST-NBDC)
高木利久 先生、星潤一 様、舘澤博子 様、佐藤恵子 様、白鳥亜希子 様 他
- 関西学院大学
藤博幸 先生
- HPCI戦略プログラム分野1「予測する生命科学・医療および創薬基盤」
人材養成プログラム(産業技術総合研究所 創薬基盤研究部門)
杉原稔 先生(当時)、坂井寛子 様(当時)、寺田朋子 様
- NGS講習会講師の先生方、TAのみなさま、および関係者の皆様

