

アグリバイオインフォマティクスが 切り開くこれからの社会とは

¹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
²東京大学・微生物科学イノベーション連携研究機構
門田幸二(かどた こうじ)
kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp
<http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/>

Contents

- 自己紹介と東大アグリバイオの紹介
- バイオインフォマティクスの発展、進化について(特にアグリ領域)
- バイオインフォ講習、企業の要望、実施する側の課題など

これまでの研究を要約すると、トランスクリプトーム
(遺伝子発現)解析手法の開発となり、理論屋の部
類に属します。

自己紹介

略歴

- 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

自己紹介

これまでの研究を要約すると、トランスクリプトーム（遺伝子発現）解析手法の開発となり、理論屋の部に属します。有田先生とは、①の頃に一瞬同じチームだったというご縁があります。

略歴

- 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 ①
- 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

自己紹介

①現在の所属先(通称:**アグリバイオ**)は、当時あちこちで行われていたバイオインフォマティクス人材養成プログラムの一つとして、②清水謙多郎 教授を中心に2004年に設立されました。

略歴

- 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 ①
アグリバイオインフォマティクス人材養成プログラム(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(2009/4~現在)



<http://www.bi.a.u-tokyo.ac.jp/~shimizu/>

教育プログラム

アグリバイオの①教育プログラムは、②大きく3つのカテゴリーに分けられ、③様々な講義科目があります。

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

ホーム > 教育プログラム

教育プログラム

▼ プログラム概要 ▼ 講義について ▼ 受講生の方へ

▼ スケジュール

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つのカテゴリーに分けられます。カテゴリーと各講義科目の目的は以下の通りです。

カテゴリー	目的
基礎	主にバイオインフォマティクスを学ぶ。生命科学のための各種データを利用した様々なツールの利用法を学ぶ。
方法論	「基礎」の科目を土台として、様々な解析手法（質量分析法など）や計算機的手法（分子モデリング、分子シミュレーション）について解説します。
先端トピックス	企業や大学の研究者が、それぞれの研究課題へのフィードバックを目指します。また、農学生命情報科学特別演習では、本プログラム教員による研究指導を受けることができます。

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
フィールドインフォマティクス

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

教育プログラム

アグリバイオの①教育プログラムは、②大きく3つのカテゴリーに分けられ、③様々な講義科目があります。有田先生には、④の担当教員として設立当初からお世話になっておりますm(_)_m



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 > 教育プログラム

教育プログラム

▼ プログラム概要 ▼ 講義について ▼ 受講生の方へ

▼ スケジュール

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つのカテゴリーに分けられます。カテゴリーと各講義科目の目的は以下の通りです。

カテゴリー	目的
基礎	主にバイオインフォマティクスを学ぶ。生命科学のための各種データを利用した様々なツールの利用法を学ぶ。
方法論	「基礎」の科目を土台として、様々な解析手法（質量分析法など）や計算機的手法（モデル選択、分子シミュレーション）について解説します。
先端トピックス	企業や大学の研究者が、それぞれが抱えている課題を解決するために、バイオインフォマティクスを用いた研究課題へのフィードバックを目指します。また、農学生命情報科学特別演習では、本プログラム教員による研究指導を受けることができます。

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
フィールドインフォマティクス

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 バイオスタティスティクス基礎論



主にRを利用

アグリバイオの①教育プログラムは、②大きく3つのカテゴリーに分けられ、③様々な講義科目があります。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)。これは**設立当初の全体方針**によります。

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

ホーム > 教育プログラム

教育プログラム

- ▼ プログラム概要
- ▼ 講義について
- ▼ 受講に
- ▼ スケジュール

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(ス)に分けられます。カテゴリーと各講義の関係

カテゴリー	目的
基礎	主にバイオインフォマティクスを学ぶ。生命科学のための各種データを利用した様々なツールの利用法。
方法論	「基礎」の科目を土台として、様々な方法、質量分析法など)や計算機的手法やモデル選択、分子シミュレーション)について解説します。
先端トピックス	企業や大学の研究者が、それぞれ利用しています。ここでは、バイオインフォマティクスで、個々の研究課題へのフィードバックを目指します。また、農学生命情報科学特別演習では、本プログラム教員による研究指導を受けることができます。

主にRを利用

アグリバイオの①教育プログラムは、②大きく3つのカテゴリーに分けられ、③様々な講義科目があります。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)。これは設立当初の全体方針によります。私は一兵卒として、長年にわたり最も多いコマ数を担当。

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

ホーム > 教育プログラム

教育プログラム

▼ プログラム概要 ▼ 講義について ▼ 受講に
▼ スケジュール

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(ス)に分けられます。カテゴリーと各講義の関係

カテゴリー	目的
基礎	主にバイオインフォマティクスを利用する。生命科学のための各種データを利用した様々なツールの利用法。
方法論	「基礎」の科目を土台として、様々な方法、質量分析法など)や計算機的方法やモデル選択、分子シミュレーション)について解説します。
先端トピックス	企業や大学の研究者が、それぞれ利用しています。ここでは、バイオインフォマティクスで、個々の研究課題へのフィードバックを目指します。また、農学生命情報科学特別演習では、本プログラム教員による研究指導を受けることができます。

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
フィールドインフォマティクス

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 バイオスタティスティクス基礎論

主にRを利用

アグリバイオの①教育プログラムは、②大きく3つのカテゴリーに分けられ、③様々な講義科目があります。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)。これは設立当初の全体方針によります。私は一兵卒として、長年にわたり最も多いコマ数を担当。2010年頃までは、主に①を利用して遺伝子発現解析の講義を実施。

(Rで)マイクロアレイデータ解析 × +
← → ↻ 🏠 ⓘ 保護されていない通信 | www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r

(Rで)マイクロアレイデータ解析

(last modified 2019/07/05, since 2005)

お知らせは主に(Rで)塩基配列解析で行っておりますのでそちらをご覧ください。(2018/11/21)

What's new?

- 「[進化で読み解く パイオインフォマティクス入門](#) (著:長田直樹)」が出版されています。本書の何よりも素晴らしいところは、単著だという点だと思います(統一[トップページ](#)へ要)。そしてチャラチャラしたところがなく、中身がしっかりしており、そして幅広い内容

主にRを利用

アグリバイオの①教育プログラムは、②大きく3つのカテゴリーに分けられ、③様々な講義科目があります。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)。これは設立当初の全体方針によります。私は一兵卒として、長年にわたり最も多いコマ数を担当。2010年頃までは、主に①を利用して遺伝子発現解析の講義を実施。2011年頃以降は、主に②を利用してNGS解析全般の講義を実施。

(Rで)マイクロアレイデータ解析

(last modified 2019/07/05, since 2005)

お知らせは主に(Rで)塩基配列

What's new?

- 「[進化で読み解く パイオ](#)す。本書の何よりも素晴らしい(要)。そしてチャラチャラ

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2019/07/19, since 2010)

このウェブページのR関連版とMacintosh2018.11版とMacintosh2019.03.12版であるという前提で記述。習会・書籍・学会誌など

What's new? (過去の)

- 「[解析](#) | [発現変動](#) | 3
[現変動](#) | [2群間](#) | [対応](#)

(Rで)塩基配列解析のサブ

(last modified 2019/08/02, since 2010)

ここは、(Rで)塩基配列解析のサブページです。メインは[こちら](#)です。(2018/07/18)

What's new?

- 「[参考資料](#) | [講義、講演資料](#)」中のリンク切れを修正しました。(2019/08/02) **NEW**
- 「[進化で読み解く パイオインフォマティクス入門](#) (著:長田直樹)」が出版されています。本書の何よりも素晴らしいところは、単著だという点だと思います(統一感が重要)。そしてチャラチャラしたところがなく、中身がしっかりしており、そして[トップページ](#)が丁寧に解説されているという点が非常によいと思います。(2019/07/05)

Contents

- 自己紹介と東大アグリバイオの紹介
- バイオインフォマティクスの発展、進化について(特にアグリ領域)
- バイオインフォ講習、企業の要望、実施する側の課題など

発展や進化?!

トランスクリプトーム解析(遺伝子発現解析)手段は、昔は①マイクロアレイだったが、今は②RNA-seq(NGS)が主流。データの性質が変わっているだけで、**データ解析時の入出力形式はほぼ不変。**

(Rで)マイクロアレイデータ解析 ①

(last modified 2019/07/05, since 2005)

お知らせは主に(Rで)塩基配列

What's new?

- 「[進化で読み解く](#) [パイオ](#)す。本書の何よりも素晴らしい(要)。そしてチャラチャラ

(Rで)塩基配列解析 ②

(last modified 2019/07/19, since 2010)

このウェブページのR関連版とMacintosh2018.11版であるという前提で記述Macintosh2019.03.12版習会・書籍・学会誌など

What's new? (過去の)

- 「[解析](#) | [発現変動](#) | 3現変動 | [2群間](#) | [対応](#)

(Rで)塩基配列解析のサブ

(last modified 2019/08/02, since 2010)

ここは、(Rで)塩基配列解析のサブページです。メインは[こちら](#)です。(2018/07/18)

What's new?

- 「[参考資料](#) | [講義](#)、[講演資料](#)」中のリンク切れを修正しました。(2019/08/02) **NEW**
- 「[進化で読み解く](#) [パイオインフォマティクス入門](#) (著:長田直樹)」が出版されています。本書の何よりも素晴らしいところは、単著だという点だと思います(統一感って重要)。そしてチャラチャラしたところがなく、中身がしっかりしており、そして[トップページ](#)が丁寧に解説されているという点が非常によいと思います。(2019/07/05)

発展や進化?!

- ゲノムワイド関連解析 (GWAS) by マイクロアレイ
 - ヒトゲノム上のコーヒー摂取量に関連する領域を同定 (PMID: 31345160, 29367735)
 - 果樹 (ニホンナシ) の効率的なゲノム育種法の確立 (PMID: 30097588)

発展や進化?!

ゲノム解析系では、今でもマイクロアレイ (Illumina BeadChip) が使われる局面がある。GS は、大量のDNAマーカー情報から特性を予測して選抜を行う、近年流行りの品種改良法。

- ゲノムワイド関連解析 (GWAS) by マイクロアレイ
 - ヒトゲノム上のコーヒー摂取量に関連する領域を同定 (PMID: 31345160, 29367735)
 - 果樹 (ニホンナシ) の効率的なゲノム育種法の確立 (PMID: 30097588)
- ゲノミックセレクション (GS) by NGS
 - ソバの効率的な品種改良により収量増加 (PMID: 29619035)
 - イタリア環境下でのピーナッツのGS (PMID: 31331290)

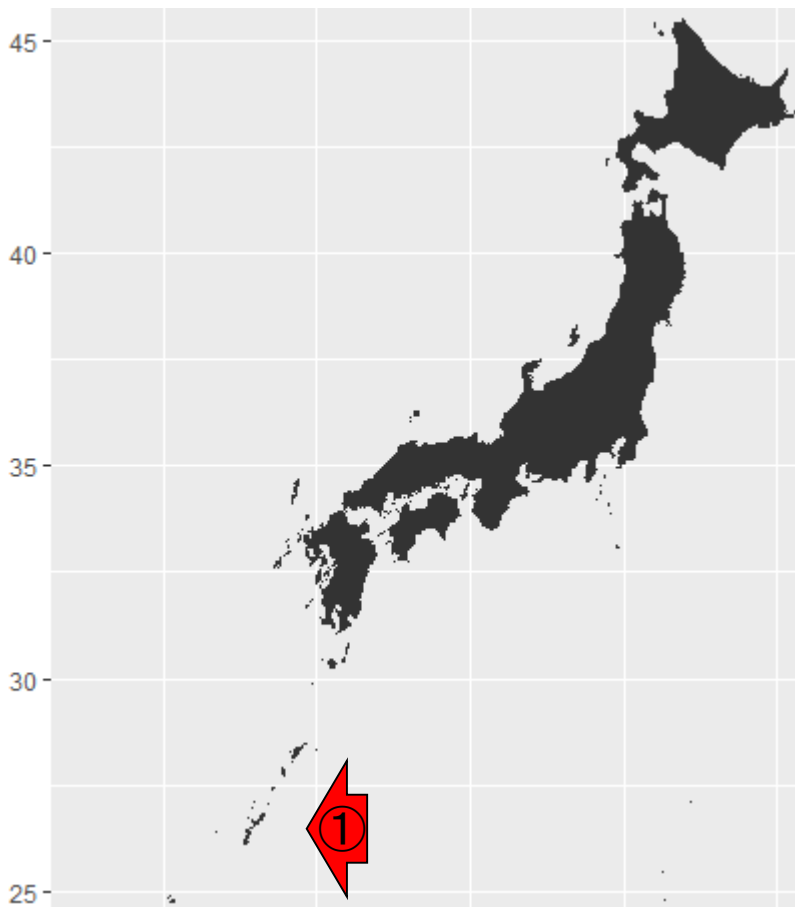
発展や進化?!

ゲノム解析系では、今でもマイクロアレイ (Illumina BeadChip) が使われる局面がある。GS は、大量のDNAマーカー情報から特性を予測して選抜を行う、近年流行りの品種改良法。沖縄ならではのネタは沢山ありそう。

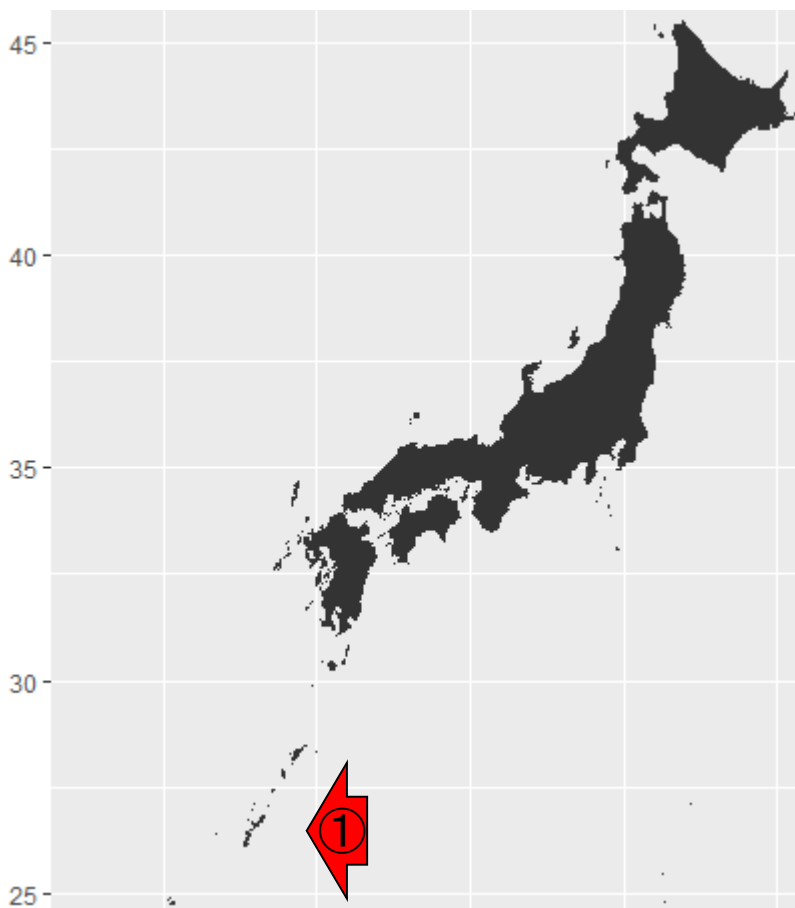
- ゲノムワイド関連解析 (GWAS) by マイクロアレイ
 - ヒトゲノム上のコーヒー摂取量に関連する領域を同定 (PMID: 31345160, 29367735)
 - 果樹 (ニホンナシ) の効率的なゲノム育種法の確立 (PMID: 30097588)
- ゲノミックセレクション (GS) by NGS
 - ソバの効率的な品種改良により収量増加 (PMID: 29619035)
 - イタリア環境下でのピーナッツのGS (PMID: 31331290)
- 沖縄では…
 - パイナップルの品種改良にGSを利用。
 - 特産品を水耕栽培可能なように品種改良し、本土でライセンス生産。
 - 海ブドウの収量アップ。昔、沖縄旅行時に当然沖縄産だと思ってたら外国産でガッカリだった (個人の感想です)。

発展や進化?!

低緯度であることを生かし、温暖化対策の先導的な役割。高温環境下でも収量を維持(or 向上)できるかどうかの実証実験とか...



発展や進化?!



低緯度であることを生かし、温暖化対策の先導的な役割。高温環境下でも収量を維持(or 向上)できるかどうかの実証実験とか…。Rで日本地図を簡単に作成可能。

```
R Console
> library("choroplethr")
> library("choroplethrAdmin1")
> admin1_map("japan")
> |
```


Contents

- 自己紹介と東大アグリバイオの紹介
- バイオインフォマティクスの発展、進化について(特にアグリ領域)
- バイオインフォ講習、企業の要望、実施する側の課題など

企業ニーズ調査

①の枠組みで、バイオインフォ人材育成に関する企業ニーズの調査が行われた(H30年度)。

「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス関連人材」を育成する講座の開発

未来の教室ってなに?

目的

近年バイオ分野においても格段に重要性が増しつつあるビッグデータやAIシステムなどを実践的に扱うことができるバイオ関連産業ニーズに合致したデータサイエンティストの人材育成を目的とする。

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

企業ニーズ調査

①の枠組みで、バイオインフォ人材育成に関する企業ニーズの調査が行われた(H30年度)。調査項目。結論としては、**要望は多様**。

実施内容(1.企業ニーズ調査を行った)

JBic、JBAの会員企業（バイオ関連企業）に送ったアンケートの内容

- ◆ AIやビッグデータ解析などの先端的ICT技術の活用に関しまして、具体的にどのような業務で、どのような課題がございますか？
(具体的な事例を記載ください)
- ◆ 上記に関してどのようなスキルを持った人材が必要でしょうか？
(基礎的な知識、及び専門的知識について具体的に記載ください)
- ◆ 上記の人材育成のため、どのような講座を開催してほしいでしょうか？
- ◆ 専門知識とITスキルのバランスはどのようにお考えでしょうか？
- ◆ 現場（企業）での現状の人材育成方法についてお教えてください（特に課題）
- ◆ 大学等で実施されているデータサイエンス関連の教育プログラムを受講されている、或いは受講を検討されている場合は、そのカリキュラムに対するご意見があれば記載ください。
- ◆ 社会人向けの人材育成プログラムに関するご要望やご意見について記載ください。
(年間講義、集中講義、e-learning、テキストなど)

！具体的企業ニーズが引き出せるように！！

企業が困っていることは何なのだろう？

具体的にどのような人材が必要なのだろう？

具体的にはどのような講座が必要なのだろう？
専門知識とのバランスは？

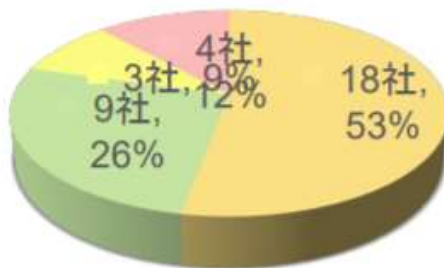
どのような講座であれば企業は教育プログラムに参加して下さるのだろうか？

企業ニーズ調査

①の枠組みで、バイオインフォ人材育成に関する企業ニーズの調査が行われた(H30年度)。調査項目。結論としては、要望は多様。①が集約された要望?!

(1) 企業ニーズ調査の実施(解析)

回答企業(10月末現在) 34社



- 製薬系
- 農業系
- 化学/バイオ系
- IT・機器・分析系

データ活用

- 社内で蓄積、構築されつつあるビックデータ(必ずしもビックではないものも含め)、および社外のビックデータ(リアルワールドデータを含め)が、ほぼ全社的(調査・研究・開発・生産・営業)に活用

課題

- データを集め解析し最終的に何を成果とするか、を議論(あるいはコンサルテーション)するために、幅広い層(経営職・管理職・専門職)への教育(データを解析、データの構築、収集、統合、そして出口の戦略立案)が不足

ITスキルと専門スキルバランス

- 両者を完全に充足する必要はないが、両者が必要

人材育成

- 少なくとも、統計と簡単なプログラミングの知識があり、実際のデータを扱える人材が必要
- 各社のニーズに合わせて自社のビジネスに活かしていける即戦力を渴望
- データサイエンスは分野日進月歩のところが大きく、将来技術が普遍化した状態への対応が必要

求められる講座像、等

- 短期講座、遠隔講座、e-learning等々への対応は必須
- 昨今のAI、ビックデータブームにより様々な講座が乱立しており、参加講座の選択に戸惑う企業の声も多く聞かれた。



講習会を実施

企業ニーズが高い「①統計と簡単なプログラミングの知識があり、実際のデータを扱える人材」を効率的に育成すべく?!、データ解析環境Rに特化した実践的な講座を実施(2019年2月)。



- 製薬系
- 化学/バイオ系
- 農業系
- IT・機器・分析系

データ活用

社内で蓄積、構築されつつあるビックデータ(必ずしもビックではないものも含め)、および社外のビックデータ(リアルワールドデータを含め)が、ほぼ全社的(調査・研究・開発・生産・営業)に活用

課題

データを集め解析し最終的に何を成果とするか、を議論(あるいはコンサルテーション)するために、幅広い層(経営職・管理職・専門職)への教育(データを解析、データの構築、収集、統合、そして出口の戦略立案)が不足

ITスキルと専門スキルバランス

両者を完全に充足する必要はないが、両者が必要

人材育成

- 少なくとも、統計と簡単なプログラミングの知識があり、実際のデータを扱える人材が必要
- 各社のニーズに合わせて自社のビジネスに活かしていける即戦力を渴望
- データサイエンスは分野日進月歩のところが大きく、将来技術が普遍化した状態への対応が必要

求められる講座像、等

- 短期講座、遠隔講座、e-learning等々への対応は必須
- 昨今のAI、ビックデータブームにより様々な講座が乱立しており、参加講座の選択に戸惑う企業の声も多く聞かれた。



講習会の概要

バイオインフォマティクス講習会（集中講義方式）（東京大学）

主催：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、一般社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム（JBIC）

開催日時：2019年2月19日（火）13:00～17:30（希望者のみ18:45まで延長して終了）

場所：東京大学 農学部2号館2階 化学第1講義室（東京都文京区弥生1-1-1）

参加者：参加者*：79名(欠席3名)

タイムスケジュール

11:00-12:00	自習（任意参加）
12:00-13:00	休憩
13:00-13:05	趣旨説明
13:05-15:30	前半「R基礎およびパッケージの利用法」
15:45-17:30	後半「RStudioの利用、Rによる機械学習（分類や回帰）」



* 20営業日の申込期間を設定していたが、申し込み開始10営業日で120名ほどの受講者が集まり、申し込みサイトをクローズした。

講習会の概要

実施内容。①ごく一般的な内容で、メインは午後のみ。

バイオインフォマティクス講習会（集中講義方式）（東京大学）

主催：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、一般社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム（JBIC）

開催日時：2019年2月19日（火）13:00～17:30（希望者のみ18:45まで延長して終了）

場所：東京大学 農学部2号館2階 化学第1講義室（東京都文京区弥生1-1-1）

参加者：参加者*：79名(欠席3名)

タイムスケジュール

11:00-12:00 自習（任意参加）

12:00-13:00 休憩

13:00-13:05 趣旨説明

13:05-15:30 前半「R基礎およびパッケージの利用法」

15:45-17:30 後半「RStudioの利用、Rによる機械学習（分類や回帰）」



* 20営業日の申込期間を設定していたが、申し込み開始10営業日で120名ほどの受講者が集まり、申し込みサイトをクローズした。

講習会の概要

実施内容。①ごく一般的な内容で、メインは午後のみ。②e-learningでなくても、ヒトは集まる。

バイオインフォマティクス講習会（集中講義方式）（東京大学）

主催：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、一般社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム（JBIC）

開催日時：2019年2月19日（火）13:00～17:30（希望者のみ18:45まで延長して終了）

場所：東京大学 農学部2号館2階 化学第1講義室（東京都文京区弥生1-1-1）

参加者：参加者*：79名(欠席3名)

タイムスケジュール

11:00-12:00 自習（任意参加）

12:00-13:00 休憩

13:00-13:05 趣旨説明

13:05-15:30 前半「R基礎およびパッケージの利用法」

15:45-17:30 後半「RStudioの利用、Rによる機械学習（分類や回帰）」



* 20営業日の申込期間を設定していたが、申し込み開始10営業日で120名ほどの受講者が集まり、申し込みサイトをクローズした。

重要なのは中身

- 自発的な申込をさせるだけの実績、実際に期待に応えるハイクオリティな講義(実績の積み上げ)。
 - できるだけ能力の高い少数の講師陣で、全体の連携をとる。
- 入念な講義資料の準備(例:2.5 hr分の講義資料作成に10日間)。
 - 講義資料に基づく自習のみで完全に理解できるレベルを目指す
 - 遅刻してきたヒトに講義補助員(TA)がトラップされないメリット(TA数は有限)
 - 「ハマっているヒトの数 < TA数」の時間をできるだけ保つ。(全体の進行を掌握)
 - 「こんな感じの結果が得られればOK」という実行結果画面のスクショも提供。講義中にネットワーク不具合が生じてもどうにかなるというメリット。
 - 出し惜しみしない。ノートに取らなくてよいようにする(進度がずれる元凶)。最初から講義資料に書き込んであげる。
- 有能なTAの確保。代替PCの確保。電源容量などのインフラ。

課題?!

- 残業時間にかからないよう定時終了(～17:30)。
 - 「働き方改革」により、特に大企業は厳しく管理されている。
- 妖怪の排除
 - 妖怪(しかるべき予習をしなかったため講義についていけないヒト)はやたらとTAに助けを求める。→ TA疲弊。→ 他の真面目な受講生イラつく。
 - アンケート結果の切り分け。妖怪、および遅刻や早退で理解できなかったヒトに起因する低評価と本当の低評価の切り分け。
- ...
- 今後どのような人材が求められる?!
 - 必要なプログラムを実行できて、結果を適切に解釈できる人材だと思います。