

基礎生物学研究所

ゲノムインフォマティクス・トレーニングコース2021年8月

NGS解析入門

おわりに

重信 秀治
Shuji Shigenobu



本コースの目標

達成できましたか？

- インフォマティクスに対する心的障壁を取り除く
- ゲノムインフォマティクスの基礎的技術と考え方を身に付ける
 - UNIXコマンドラインの操作や環境に慣れる
 - タブ区切りテキストを処理する程度の簡単なプログラミングを学ぶきっかけをつかむ
- 独習するための基盤を身に付ける
 - 今後独習する為に必要な基礎的なスキル
 - 今後何を学べば良いかの指針を得る
- インフォマティクス専門家と対話できる程度の基礎知識を身に付ける

What's next?

- 今回学んだことを自身のプロジェクトに適用する。
- 個別のアプリケーションの解析法を学ぶ。
 - Genome SNP, SV解析
 - RNA-seq (NIBB GITC)
 - ChIP-seq, ATAC-seq
 - Long-read analysis
 - Single-cell RNA-seq
- リアルなデータの解析の解析を進めていくと、スクリプト言語を勉強したくなるはず。Pythonを推奨。

受講料無料

基礎生物学研究所 ゲノムインフォマティクス

トレーニングコース

ONLINE
開催

オーガナイザー 重信 秀治（基礎生物学研究所 教授） 内山 郁夫（基礎生物学研究所 准教授）

講師 佐藤 昌直（北海道大学 助教） 山口 勝司・西出 浩世・中村 貴宣・杉浦 宏樹（基礎生物学研究所 技術職員）

course 1 2021.
8.25 水 → 26 木

NGS解析入門

一定員一
26名

データ解析を行う際の共通の基盤として、UNIXオペレーティングシステムや統計解析パッケージRの基本的な使い方を学んだ上で、NGS解析と統計学の基礎を学習し、NGSデータ解析を想定した演習を行います。

course 2 2021.
9.15 水 → 16 木

RNA-seq入門

一定員一
26名

RNA-seq入門では、RNA-seqによる発現変動解析の原理を理解した上で、実践的なデータ解析パイプラインを習得します。**このコースではNGS解析入門の技術・知識が必須となります。**

募集
開始

2021.
6.28 日

募集
締切

2021.
7.25 日

お問い合わせ・詳細・受講お申し込みはこちらから

<https://www.nibb.ac.jp/gitc/2021-1st/>



お問い合わせ



自然科学研究機構 基礎生物学研究所 GITC事務局 担当: 杉浦・森

TEL: 0564-55-7626 E-mail: nibb_gitc@nibb.ac.jp <https://www.nibb.ac.jp>

受講料無料

基礎生物学研究所 ゲノムインフォマティクス

トレーニングコース

ONLINE
開催

- NGS 基本フォーマット・基本ツールの復習
- NGSデータの可視化
- RNA-seq パイプライン：基礎
- RNA-seq パイプライン：transcriptベース
- RNA-seq パイプライン：genome ベース
- RNA-seq パイプライン：de novoアセンブリ
- 多変量解析
- 機能アノテーションとGO解析
- 実戦演習

講師（基礎生物学研究所 准教授）

講師 堀出 浩世・中村 貴宣・杉浦 宏樹（基礎生物学研究所 技術職員）

course **2** 2021. **9.15** 水 → **16** 木

RNA-seq入門 一定員 **26** 名

RNA-seq入門では、RNA-seqによる発現変動解析の原理を理解した上で、実践的なデータ解析パイプラインを習得します。**このコースではNGS解析入門の技術・知識が必須となります。**

問い合わせ・詳細・受講お申し込みはこちらから

<https://www.nibb.ac.jp/gitc/2021-1st/>



お問い合わせ



基礎生物学研究所 GITC事務局 担当: 杉浦・森

TEL: 0564-55-7626 E-mail: nibb_gitc@nibb.ac.jp <https://www.nibb.ac.jp>

9月まで待たずに、前回のGITC資料で勉強するのも良し。

<https://github.com/nibb-gitc/gitc2021mar-rnaseq>

- NGS 基本フォーマット・基本ツールの復習
- NGSデータの可視化
- RNA-seq パイプライン：基礎
- RNA-seq パイプライン：transcriptベース
- RNA-seq パイプライン：genome ベース
- RNA-seq パイプライン：de novoアセンブリ
- 多変量解析
- 機能アノテーションとGO解析
- 実戦演習

大 夫（基礎生物学研究所 准教授）

山田 浩世・中村 貴宣・杉浦 宏樹（基礎生物学研究所 技術職員）

course **2** ^{2021.} **9.15** 水 → **16** 木

RNA-seq入門 一定員 **26** 名

RNA-seq入門では、RNA-seqによる発現変動解析の原理を理解した上で、実践的なデータ解析パイプラインを習得します。**このコースではNGS解析入門の技術・知識が必須となります。**

問い合わせ・詳細・受講お申し込みはこちらから

<https://www.nibb.ac.jp/gitc/2021-1st/>



お問い合わせ



TEL: 0564-55-7626 E-mail: nibb-gitc@nibb.ac.jp <https://www.nibb.ac.jp>

基礎生物学研究所 GITC事務局 担当: 杉浦・森

What's next?

- 今回学んだことを自身のプロジェクトに適用する。
- 個別のアプリケーションの解析法を学ぶ。
 - Genome SNP, SV解析
 - RNA-seq (NIBB GITC)
 - ChIP-seq, ATAC-seq
 - Long-read analysis
 - Single-cell RNA-seq
- リアルなデータの解析の解析を進めていくと、スクリプト言語を勉強したくなるはず。Pythonを推奨。

オススメ勉強法

- コマンドやプログラムは自分で試してみる。copy & pasteでなくタイピングすること。（熊楠メソッド）
- 気軽に質問する。講師はもちろん、隣や前後の受講生にも。その一方で、ヘルプやマニュアルドキュメントをうまく活用する。
- 自分の研究との接点を常に意識する。自分の研究に応用する。

オススメ勉強法十

- コマンドやプログラムは自分で試してみる。copy & pasteでなくタイピングすること。（熊楠メソッド）
- 気軽に質問する。講師はもちろん、隣や前後の受講生にも。その一方で、ヘルプやマニュアルドキュメントをうまく活用する。
- => 研究室の同僚に教えてあげよう。
- => 経験を積んで、独学のセンスを磨こう。
- 自分の研究との接点を常に意識する。自分の研究に応用する。
- => 具体的なプロジェクトと目標を設定し、アウトプットする。
- UNIX, Rの基本技術を日常生活に浸透させ技術を磨き続ける。

Good job!

おつかれさまでした。

コースwikiは継続的に維持します。ご自身の復習や同僚との勉強会などに活用ください。

<https://github.com/nibb-unix/gitc202108-unix/wiki>

(演習用データDL : <https://www.nibb.ac.jp/cproom/gitc/gitc202108.html>)