

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2023年3月

NGS解析入門

おわりに

重信 秀治

Shuji Shigenobu

準備編を通しての目標

- 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
 - 統計的な考え方やデータ処理の流れを理解する
 - NGSデータの基本的な見方、扱い方に習熟する
 - 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
- さらに基礎力を磨く

- 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

GITC

Genome Informatics Training Course

ゲノムインフォマティクス トレーニングコース

大規模かつ複雑なデータから生物学的な情報を抽出するためのコンピュータや統計学の知識とスキルについて、末長く使える「基礎力」と、すぐに使える「即戦力」の両方をバランスよく習得することを目指しています。

現地受講

オンライン受講

NGS解析入門

データ解析を行う際の共通の基礎として、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。

2023
2/8 水 - 9 木

詳細・受講申込はこちら

<https://www.nibb.ac.jp/gitc/2022-2nd/>

RNA-seq入門

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。

2023
3/1 水 - 2 木

詳細・受講申込はこちら

<https://www.nibb.ac.jp/gitc/2022-3rd/>

募集期間 2022年12月12日(月)～2023年1月9日(月・祝)

定員 現地開催：16名、オンラインの聴講参加：100名

場所 基礎生物学研究所 明大寺地区 または オンライン
(愛知県岡崎市明大寺町字西郷中38)

受講料 無料

●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 准教授)／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)



自然科学研究機構
基礎生物学研究所
超階層生物学センター



【お問い合わせ】
GITC事務局(担当:杉浦)
TEL: 0564-55-7626
E-mail: nibb-gitc@nibb.ac.jp

3月まで待たずに、前回のGITC資料で勉強するのも良いでしょう。

<https://github.com/nibb-gitc/gitc2022sep-rnaseq/wiki>

- 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



**ゲノムインフォマティクス
トレーニングコース**

大規模かつ複雑なデータから生物学的な情報を抽出するための
コンピュータや統計学の知識とスキルについて、末長く使える
「基礎力」と、すぐに使える「即戦力」の両方をバランスよく習得する
ことを目指しています。

現地受講 **オンライン受講**

NGS解析入門

データ解析を行う際の共通の基礎として、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。

2023
2/8 水 - 9 木

詳細・受講申込はこちら

<https://www.nibb.ac.jp/gitc/2022-2nd/>

RNA-seq入門

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。

2023
3/1 水 - 2 木

詳細・受講申込はこちら

<https://www.nibb.ac.jp/gitc/2022-3rd/>

募集期間 2022年12月12日(月)～2023年1月9日(月・祝)

定員 現地開催：16名、オンラインの聴講参加：100名

場所 基礎生物学研究所 明大寺地区 または オンライン
(愛知県岡崎市明大寺町字西郷中38)

受講料 無料

●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 准教授)／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)



自然科学研究機構
基礎生物学研究所
超階層生物学センター



【お問い合わせ】
GITC事務局(担当:杉浦)
TEL: 0564-55-7626
E-mail: nibb-gitc@nibb.ac.jp

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
- さらに基礎力を磨く
 - UNIXやRの使いこなし
 - 統計学の勉強
 - プログラミング言語の学習（Python等）

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。