

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2025年8月

NGS解析入門

おわりに

重信 秀治
Shuji Shigenobu



本コースを通しての目標

- 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
 - Spatial transcriptome
- さらに基礎力を磨く

RNA-seq入門プログラム予定 (9/10-11)

- 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 de novoアセンブリ & single cell RNA-seq
- 多変量解析
- 機能アノテーションとGO解析
- 実戦演習

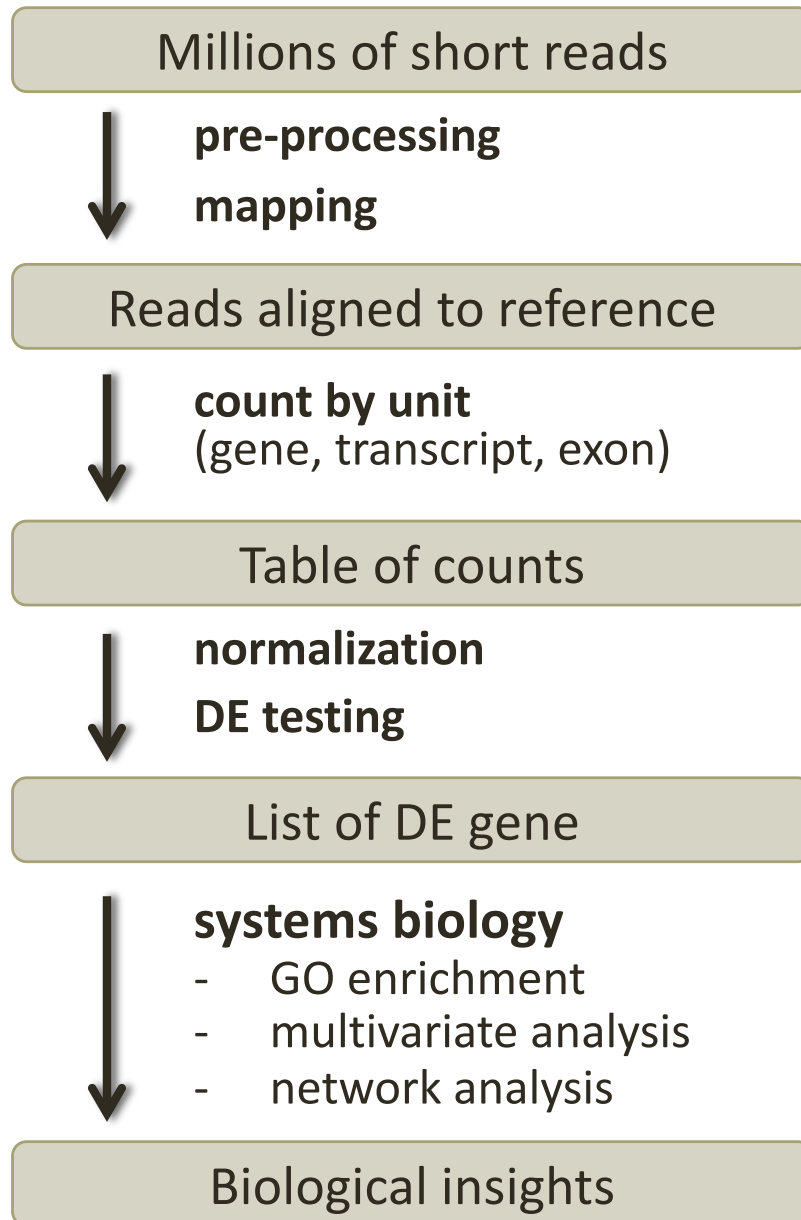
(テキスト・練習問題完全公開)

<https://github.com/nibb-gitc/gitc2025mar-rnaseq/wiki> [前回分]

<https://github.com/nibb-gitc/gitc2025sep-rnaseq/wiki> [今回分・工事中]

RNA-seq analysis pipeline for DE

Differential Expression analysis



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（一次情報が重要）。
- ⇒ 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。
- ⇒ ChatGPT等生成系AIのツールも有効です。
- 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。
 - ターミナルやVS Codeを常に立ち上げておく。

熊楠メソッド



南方熊楠
(1863-1941)



写真5 ロンドン抜書第1巻巻初の書付 「明治28年4月5日 至6月5日 プルチッシュ博物館書籍室 抜書 卷之一 南方熊楠」とある。厚板表紙を持つ厚さ約5 cmのノート。

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。