

# バイオインフォマティクス教育と研究 ～私の経験談～

<sup>1</sup>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  
<sup>2</sup>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/>

# 資料はコチラ

①ググって、②私のホームページの、  
③講演・講習会など、にPDFがあります  
(のでメモなどをとる必要はありません)。

東大 門田



①

## 門田 幸二のホームページ

②

名前 門田 幸二(かどた こうじ)

所属 [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](#)  
[東京大学 微生物科学イノベーション連携研究機構](#)

身分 准教授

研究分野 バイオインフォマティクス(トランスクリプトーム解析)



- [研究テーマ](#) (last modified 2018/03/01)
- [原著論文](#) (last modified 2018/03/08)
- [総説・解説記事・翻訳など](#) (last modified 2017/11/13)
- [略歴](#) (last modified 2018/04/09)
- [講義](#) (last modified 2018/04/06)
- [講演・講習会など](#) (last modified 2018/05/04) **NEW**
- [外部研究資金](#) (last modified 2018/04/06)
- [その他](#) (last modified 2018/05/17) **NEW**
- [リンク集](#) (last modified 2018/05/11) **NEW**

③

### 研究テーマ

トランスクリプトーム解析手法の開発。本ユニットでは、様々なトランスクリプトームデータの解析や新規解析手法の開発を通じて、農学生命科学への応用を目指します。「数式を並べ立てた難解な方法を凌駕する"シンプルな方法"の開発」をモットーとしています。これまでの主な研究成果を三つのカテゴリーに分けていますが、いずれも「トランスクリプトーム解析」でひとまとめにできます。また、実験系の方でも気軽に研究成果を利用可能なように「[\(Rで\)マイクロアレイデータ解析](#)」と「[\(Rで\)塩基配列解析](#)」上にも 下記開発手法中の一部について、その利用法を記述しています。

# 資料はコチラ

東大 門田



①

- ①ググって、②私のホームページの、
- ③講演・講習会など、にPDFがあります  
(のでメモなどをとる必要はありません)。
- ④まずは自己紹介(略歴)から。

## 門田 幸二のホームページ

②

名前 門田 幸二(かどた こうじ)

所属 [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](#)  
[東京大学 微生物科学イノベーション連携研究機構](#)

身分 准教授

研究分野 バイオインフォマティクス(トランスクリプトーム解析)



- [研究テーマ](#) (last modified 2018/03/01)
- [原著論文](#) (last modified 2018/03/08)
- [総説・解説記事・翻訳など](#) (last modified 2017/11/13)
- ④ [略歴](#) (last modified 2018/04/09)
- [講義](#) (last modified 2018/04/06)
- [講演・講習会など](#) (last modified 2018/05/04) **NEW**
- [外部研究資金](#) (last modified 2018/04/06)
- [その他](#) (last modified 2018/05/17) **NEW**
- [リンク集](#) (last modified 2018/05/11) **NEW**

③

### 研究テーマ

トランスクリプトーム解析手法の開発。本ユニットでは、様々なトランスクリプトームデータの解析や新規解析手法の開発を通じて、農学生命科学への応用を目指します。「数式を並べ立てた難解な方法を凌駕する"シンプルな方法"の開発」をモットーとしています。これまでの主な研究成果を三つのカテゴリーに分けていますが、いずれも「トランスクリプトーム解析」でひとまとめにできます。また、実験系の方でも気軽に研究成果を利用可能なように「[\(Rで\)マイクロアレイデータ解析](#)」と「[\(Rで\)塩基配列解析](#)」上にも 下記開発手法中の一部について、その利用法を記述しています。

# 自己紹介

研究に関しては、昔はマイクロアレイ、最近ではRNA-seqデータを取り扱っています。一貫して、**トランスクリプトーム解析手法の開発**に取り組んでおり、**理論屋**の部類に属します。

## 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  
論文題目:cDNAマイクロアレイを用いた遺伝子発現解析手法の開発  
指導教員:清水謙多郎教授
- 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

①バイオインフォマティクス教育を行う一兵卒となって丸13年が経過。②東大アグリバイオは、当時あちこちで行われていたバイオインフォ人材養成プログラムの一つとして清水謙多郎先生を中心に設立されました。

## 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
- ② 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)

# 文科省の取り組み

資料3

「バイオインフォ 人材養成 文科省」でググって  
見つけてきたPDF。①ちょっと古いが、バイオイン  
フォーマティクスに関する情報として、その頃まで  
の文科省の取り組みの歴史がわかります。

バイオインフォーマティクスに関する文科省の  
現在までの取組と今後の在り方について

平成24年6月11日  
ライフサイエンス課



# 文科省の取り組み

東大アグリバイオは、①の枠組みで②計13機関設立されたバイオインフォ人材養成プログラムのうちの1つ。

資料3-2

## 文科省による現在までの主な取り組み（1）

### ○JSTバイオインフォマティクス推進センター事業(BIRD) 01~10

・バイオインフォマティクスの発展及びそれを基盤とした新しい生物化学の創造を目指し、生物情報データベースの高度化・標準化、バイオインフォマティクスの創造的研究開発を実施

### ① ○科学技術振興調整費 新興分野人材養成 01~09

- ・1~2億円×5年間で計13機関を採択
- ・生物情報科学学部教育②ユニット(東大)、システム生物学者育成プログラム(慶大)、ゲノム情報科学研究教育機構(京大)、システム生命化学人材養成ユニット(九大)、クリニカル・ゲノム・インフォマティクス(神戸大)、バイオ医療オミックス情報学人材養成プログラム(医科歯科大) 等
- ・民間の協力を得られるか、本プログラム終了後も人材養成を継続する計画を有しているかを重視して選定

### ○21世紀COEプログラム、グローバルCOEプログラム

- ・「言語から読み解くゲノムと生命システム」(東京大学新領域創成科学研究科 他) 04~08
- ・「ゲノム情報ビッグバンから読み解く生命圏」(東京大学新領域創成科学研究科 他) 09~ 03~07
- ・「ゲノム科学の知的情報基盤研究拠点形成」(京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター)
- ・「in vivoヒト代謝システム生物学拠点」(慶應義塾大学医学部 他) 08~

### ○統合データベースプロジェクト (文部科学省委託費) 06~10

- ・散在する生命科学系データベース等を統合するための研究開発の推進等を実施。
- ・平成23年度からJSTのNBDCに役割を移管。

バイオインフォマ  
現在までの取組

平成2  
ライ



# 文科省の取り組み

東大アグリバイオは、①の枠組みで②計13機関設立されたバイオインフォ人材養成プログラムのうちの1つ。多くの養成プログラムが③5年後に終了していった中での数少ない生き残り?!

資料3-2

## 文科省による現在までの主な取り組み（1）

### ○JSTバイオインフォマティクス推進センター事業(BIRD) 01~10

・バイオインフォマティクスの発展及びそれを基盤とした新しい生物化学の創造を目指し、生物情報データベースの高度化・標準化、バイオインフォマティクスの創造的研究開発を実施

### ① ○科学技術振興調整費 新興分野人材養成 01~09

- ・1~2億円×5年間で計13機関を採択
- ・生物情報科学教育ユニット(東大)、システム生物学者育成プログラム(慶大)、ゲノム情報科学研究教育機構(京大)、システム生命化学人材養成ユニット(九大)、クリニカル・ゲノム・インフォマティクス(神戸大)、バイオ医療オミックス情報学人材養成プログラム(医科歯科大) 等
- ・民間の協力を得られるか、本プログラム終了後も人材養成を継続する計画を有しているかを重視して選定

### ○21世紀COEプログラム、グローバルCOEプログラム

- ・「言語から読み解くゲノムと生命システム」(東京大学新領域創成科学研究科 他) 04~08
- ・「ゲノム情報ビッグバンから読み解く生命圏」(東京大学新領域創成科学研究科 他) 09~ 03~07
- ・「ゲノム科学の知的情報基盤研究拠点形成」(京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター)
- ・「in vivoヒト代謝システム生物学拠点」(慶應義塾大学医学部 他) 08~

### ○統合データベースプロジェクト (文部科学省委託費) 06~10

- ・散在する生命科学系データベース等を統合するための研究開発の推進等を実施。
- ・平成23年度からJSTのNBDCに役割を移管。

バイオインフォマティクス  
現在までの取組

平成23  
ライ



# Contents

- アグリバイオの歴史(一兵卒の視点から)
- アグリバイオの教育プログラム
- 2つのウェブページ
  - (Rで)マイクロアレイデータ解析
  - (Rで)塩基配列解析
- バイオインフォマティクスとNGS(次世代シーケンサ)
  - テクノロジーの栄枯盛衰～マイクロアレイからRNA-seq(NGS)へ～
  - NGSハンズオン講習会(H26～29)
  - 日本乳酸菌学会誌のNGS連載(H26～)

①振興調整費の頃は予算も潤沢だったため、②スタッフ数も約10名(事務補佐の方を含む)。

# アグリバイオの歴史

## 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  
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)



年度	H16	H17	H18	H19	H20
修士課程	12	65	73	83	68
博士課程	3	7	11	13	6
社会人	5	3	8	4	1
合計	20	75	92	100	75
開講科目数	9	15	15	15	15
常勤教員数	6	6	7	7	7
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2
担当コマ数	3	?	?	8	8



# アグリバイオの歴史

①振興調整費の頃は予算も潤沢だったため、②スタッフ数も約10名(事務補佐の方を含む)。また、③受講人数も少なめで、ノートPCも21台しかなかった。今と比べれば、一人当たりの負担も軽かった。

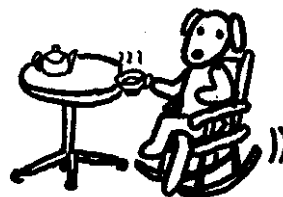
## 略歴

- 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  
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)



年度	H16	H17	H18	H19	H20
修士課程	12	65	73	83	68
博士課程	3	7	11	13	6
社会人	5	3	8	4	1
合計	20	75	92	100	75
開講科目数	9	15	15	15	15
常勤教員数	6	6	7	7	7
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2
担当コマ数	3	?	?	8	8

1科目以上の合格者数



# アグリバイオの歴史

## 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  
 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)

年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26
<b>合計</b>	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14

1科目以上の合格者数

①上層部の先生方。②アグリバイオ設立当初から現在に至るまでずっと教授で主要メンバー

教育プログラムメンバー（平成30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

専任教員



寺田 透 / TERADA Tohru  
(大学院情報学環・学際情報学府 / 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 / 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

兼任教員  
(運営・講義)

- 清水謙多郎 (東大・農 / 教授)
- 岸野洋久 (東大・農 / 教授)
- 嶋田 透 (東大・農 / 教授)
- 野尻秀昭 (東大・農 / 教授)
- 永田宏次 (東大・農 / 准教授)
- 沖一雄 (東大・生産技術研究所 / 准教授)
- 阿部啓子 (東大・農 / 特任教授)

②

①



①この頃から受講人数が右肩上がり。②H24年(2012年)には、初の平均出席者数が100名超の科目も…。

# アグリバイオの歴史

## 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  
 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)

年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26
<b>合計</b>	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14

1科目以上の合格者数



# アグリバイオの歴史

3時間超のアグリバイオ講義時間(17:15-20:30)をOA  
 タップ配線なしでバッテリーのみで持たせるべく、徐々にバッテリー長持ちのノートPCに切り替え、増やしてきた。①H25年あたりからノートPCは90台程度で運用。

## 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  
 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)



年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26
<b>合計</b>	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14

1科目以上の合格者数

# アグリバイオの歴史

## 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  
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)

年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	109	149	147	148
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	22	24	23	16
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	54	34	21	27
<b>合計</b>	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>	<b>185</b>	<b>207</b>	<b>191</b>	<b>191</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13	12	12
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0	0	0
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20	28	12

1科目以上の合格者数

①

常勤教員2名。寺田透先生と私。①寺田透先生が、受講ガイダンス、サーバ管理、無線LANなどインフラ関係の大変な業務を担当してくださっていますm(\_ \_)m

教育プログラムメンバー（平成30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



専任教員



寺田 透 / TERADA Tohru  
(大学院情報学環・学際情報学府 / 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 / 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

兼任教員  
(運営・講義)

- 清水謙多郎 (東大・農 / 教授)
- 岸野洋久 (東大・農 / 教授)
- 嶋田 透 (東大・農 / 教授)
- 野尻秀昭 (東大・農 / 教授)
- 永田宏次 (東大・農 / 准教授)
- 沖一雄 (東大・生産技術研究所 / 准教授)
- 阿部啓子 (東大・農 / 特任教授)

年次報告書の作成は、①清水謙多郎先生がやっていますm(\_)\_m

教育プログラムメンバー（平成30年度版）

<p>プログラム 代表者</p>	 <p>丹下 健 / TANGE Takeshi (大学院農学生命科学研究科長)</p> <p>プログラム代表者</p>
<p>専任教員</p>	<div data-bbox="244 482 435 739">  <p>寺田 透 / TERADA Tohru (大学院情報学環・学際情報学府 / 准教授)</p> <p>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</p> </div> <div data-bbox="244 771 435 1028">  <p>門田幸二 / KADOTA Koji (大学院農学生命科学研究科 / 准教授)</p> <p>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</p> </div>
<p>兼任教員 (運営・講義)</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>■ 清水謙多郎 (東大・農 / 教授)</li> <li>■ 岸野洋久 (東大・農 / 教授)</li> <li>■ 嶋田 透 (東大・農 / 教授)</li> <li>■ 野尻秀昭 (東大・農 / 教授)</li> <li>■ 永田宏次 (東大・農 / 准教授)</li> <li>■ 沖一雄 (東大・生産技術研究所 / 准教授)</li> <li>■ 阿部啓子 (東大・農 / 特任教授)</li> </ul>





多くの皆様のご協力によって、東大アグリバイオの教育プログラムが成り立っています。

# H30年度の体制


兼任教員 (運営・講義)	<ul style="list-style-type: none"><li>■ 清水謙多郎 (東大・農 / 教授)</li><li>■ 岸野洋久 (東大・農 / 教授)</li><li>■ 嶋田 透 (東大・農 / 教授)</li><li>■ 野尻秀昭 (東大・農 / 教授)</li><li>■ 永田宏次 (東大・農 / 准教授)</li><li>■ 沖一雄 (東大・生産技術研究所 / 准教授)</li><li>■ 阿部啓子 (東大・農 / 特任教授)</li></ul>
兼任教員 (講義)	<ul style="list-style-type: none"><li>■ 岩田洋佳 (東大・農 / 准教授)</li><li>■ 勝間 進 (東大・農 / 准教授)</li></ul>
協力教員 (講義)	<ul style="list-style-type: none"><li>■ 北田修一 (東京海洋大学 / 名誉教授)</li><li>■ 麻生川 稔 (日本電気株式会社 / 主席技術主幹)</li><li>■ 有田正規 (国立遺伝学研究所 / 教授)</li><li>■ 大島研郎 (法政大学 / 教授)</li><li>■ 井澤 毅 (東大・農・生産・環境生物学専攻 / 教授)</li><li>■ 二宮正士 (東大・農・国際フィールドフェノミクス研究拠点 / 特任教授)</li><li>■ 平藤雅之 (東大・農・国際フィールドフェノミクス研究拠点 / 特任教授)</li><li>■ 加藤洋一郎 (東大・農・附属生態調和農学機構 / 准教授)</li><li>■ 増富祐司 (茨城大・農・地域環境科学科 / 准教授)</li><li>■ 藤本 優 (東大・農・育種ゲノミクス社会連携講座 / 特任准教授)</li><li>■ 郭 威 (東大・農・附属生態調和農学機構 / 特任助教)</li><li>■ 中道礼一郎 (水産生命情報研究センター / 研究員)</li></ul>
事務職員	<ul style="list-style-type: none"><li>■ 寺田朋子 (学術支援職員)</li><li>■ 三浦 文 (学術支援職員)</li></ul>



# アグリバイオの歴史

## 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  
 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)



年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	109	149	147	148
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	22	24	23	16
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	54	34	21	27
<b>合計</b>	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>	<b>185</b>	<b>207</b>	<b>191</b>	<b>191</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13	12	12
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0	0	0
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20	28	12

①H27からはポスドクさんもない中、平均出席者数が120名超になってしまう科目が!

# アグリバイオの歴史

## 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  
 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)

年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	109	149	147	148
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	22	24	23	16
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	54	34	21	27
合計	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>	<b>185</b>	<b>207</b>	<b>191</b>	<b>191</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13	12	12
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0	0	0
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20	28	12



# 講義風景

講義室の後方はパイプ椅子。約130名。①私。





# この人数だと...

公共データベースやウェブツールを提供するウェブサイトへのアクセス≒サイバーテロ。①首謀者





# ノートPCの劣化...

4,5年物のノートPCは、3時間超の講義に耐えられない。講義終盤のノートPCを用いた課題ができないという事態が続出(´;ω;`)



# アグリバイオの歴史

アグリバイオは、①設立当初の方針である、  
他大学の学生や社会人も受講できる枠組み  
は現在でも維持してはいるものの...②このあ  
たりまでで学外へのお知らせはほぼ停止。

## 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(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)

年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	109	149	147	148
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	22	24	23	16
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	54	34	21	27
合計	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>	<b>185</b>	<b>207</b>	<b>191</b>	<b>191</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13	12	12
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0	0	0
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20	28	12



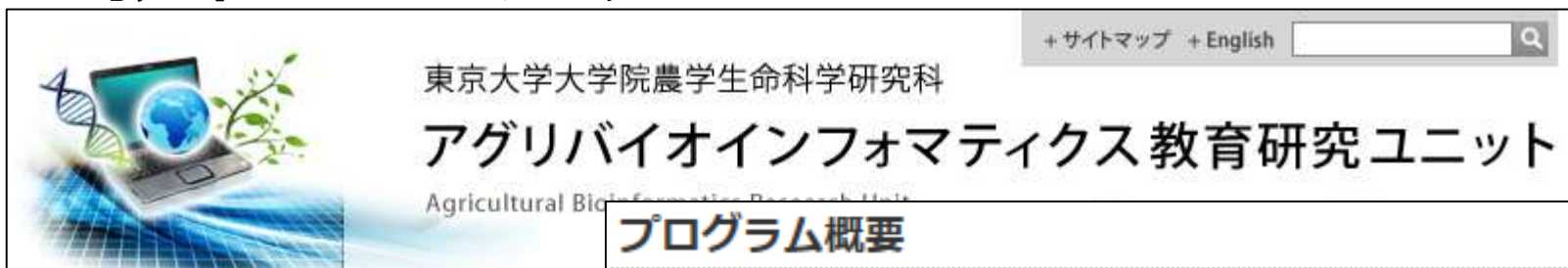
# Contents

- アグリバイオの歴史(一兵卒の視点から)
- アグリバイオの教育プログラム
- 2つのウェブページ
  - (Rで)マイクロアレイデータ解析
  - (Rで)塩基配列解析
- バイオインフォマティクスとNGS(次世代シーケンサ)
  - テクノロジーの栄枯盛衰～マイクロアレイからRNA-seq(NGS)へ～
  - NGSハンズオン講習会(H26～29)
  - 日本乳酸菌学会誌のNGS連載(H26～)



# 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



- + 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




- お知
- ▶ 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

## 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。

# 教育プログラム

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。
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。
先端トピックス	企業や大学の研究者が、それぞれの最先端トピックスの講義を通じて、ノ例に触れることで、個々の研究課題への特別演習を通じて、本プログラム専任教





# 教育プログラム(基礎)

①基礎科目の開催期間は4-5月。年度初めなので、これらに受講者が殺到

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



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

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

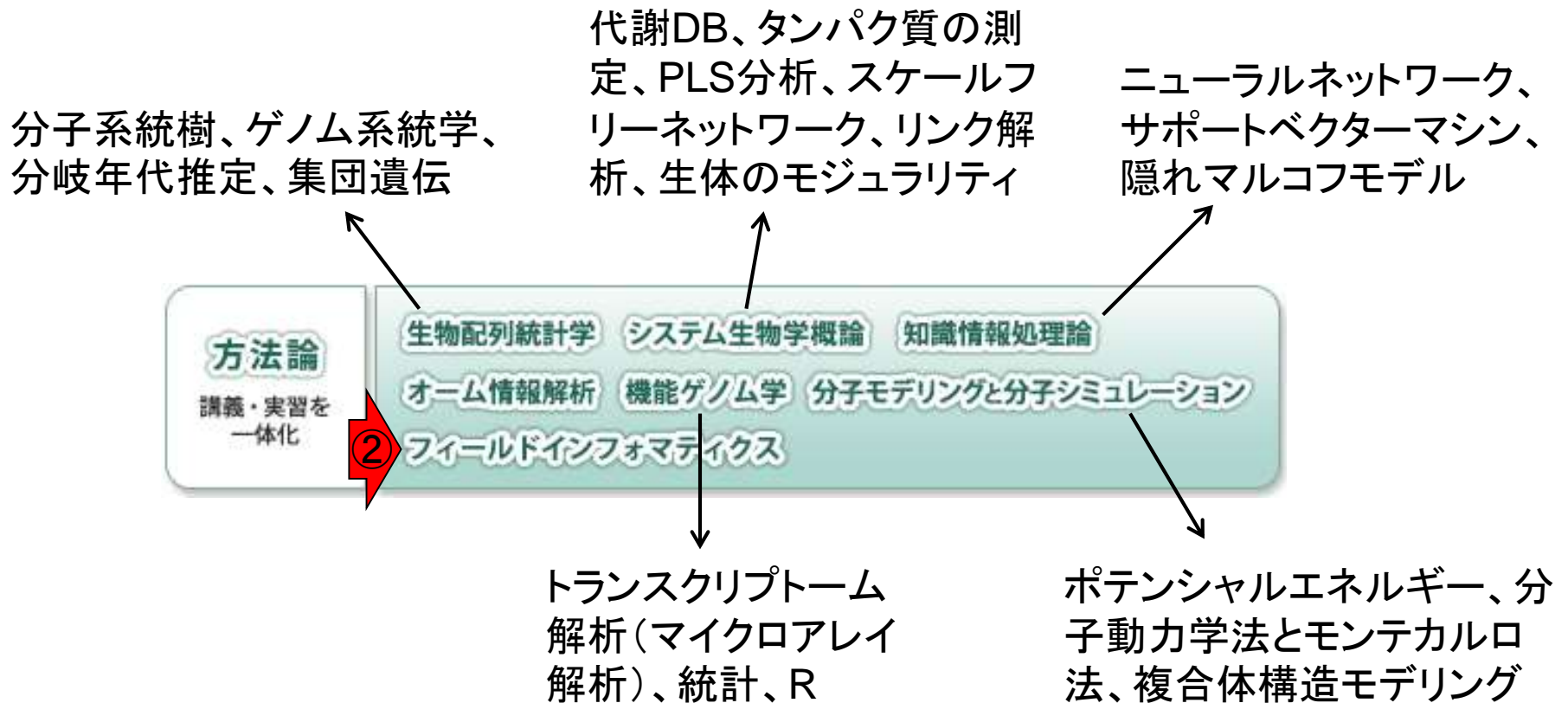
# 教育プログラム(方法論)

①**方法論**の科目の開催期間は5-7月で、バイオインフォ全般を教えています。②**フィールドインフォマティクス**は、今年度からの開講科目。農学部ならではの内容です

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、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。

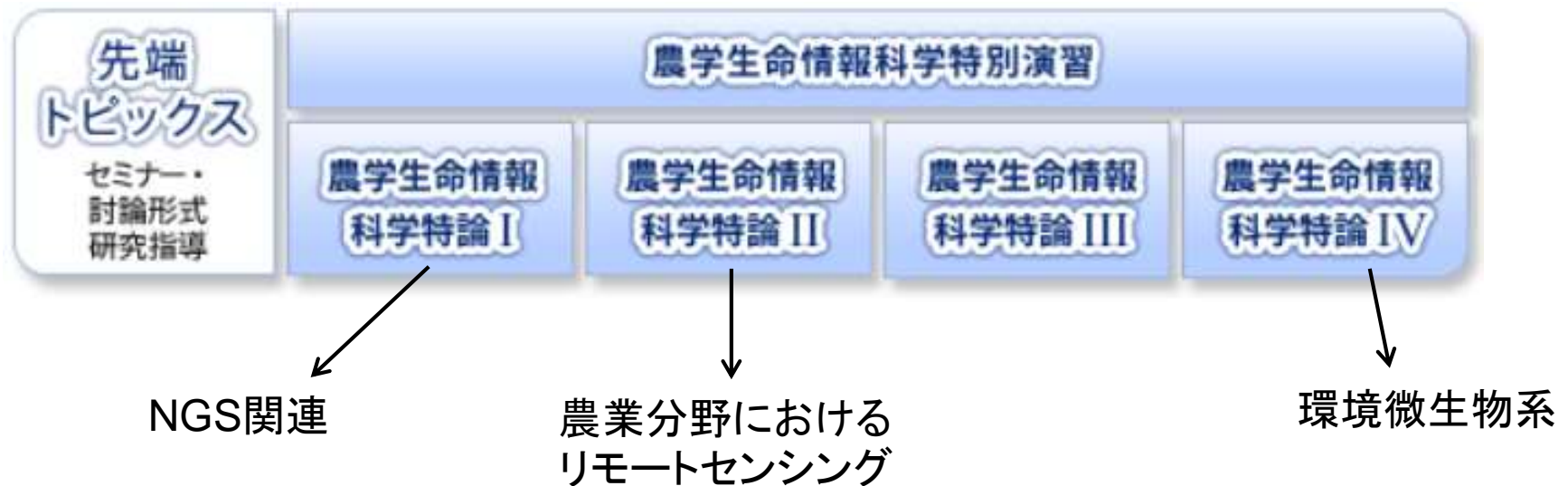


# 教育プログラム（先端トピ）

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。



# Rを多くの講義で利用

アグリバイオは、①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るが、おそらく明文化はされていない

## 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



```
R 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
R Console
> 1 + 1
[1] 2
> 100/5
[1] 20
> 8*7
[1] 56
> |
```

# Contents

- アグリバイオの歴史(一兵卒の視点から)
- アグリバイオの教育プログラム
- 2つのウェブページ
  - (Rで)マイクロアレイデータ解析
  - (Rで)塩基配列解析
- バイオインフォマティクスとNGS(次世代シーケンサ)
  - テクノロジーの栄枯盛衰～マイクロアレイからRNA-seq(NGS)へ～
  - NGSハンズオン講習会(H26～29)
  - 日本乳酸菌学会誌のNGS連載(H26～)



# 2つのウェブページ

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。

## (Rで)マイクロアレイデータ解析

(last modified 2017/09/25, since 2005)

### What's new?

- 「前処理 | ID変換 | [probe ID -> gene symbol](#)」の例題2以降のコードを改良しました。具体的において、「2つの入力ファイルの1列目のprobe ID情報の対応がとれる(同じ行の位置でなくても)」のように書いていましたが、実際には同じ行の位置でなければいけなかったことが判明したのコードについてバグの修正を行いました(川路啓太氏 提供情報)。(2017/09/22)
- 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。マイクロアレイ演習資料なども(Rで)塩基配列解析中の参考資料(講義、講習会、本など)から辿れます。(2014

- [はじめに](#) (last modified 2014/05/14)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2017/09/22)
- [インストール | について](#) (last modified 2015/04/02)
- 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 2015/04/01) 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 2015/03/22)
- 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 2017/03/08) 推奨
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限\(数GB?\)](#) (last modified 2015/05/25)
- インストール | Rパッケージ | [個別](#) (last modified 2015/10/17)
- (削除予定)Rのインストールと起動 (last modified 2014/05/14)
- (削除予定)Rの昔のバージョンのインストール (last modified 2012/04/07)
- [使用例\(初心者向け\)](#) (last modified 2011/09/15)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2017/03/10)
- [書籍 | について](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.1 はじめに](#) (last modified 2014/05/09)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.1 原理\(Affymetrix 3'発現アレイ\)](#) (last modified 2014/05/11)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.2 最近の知見](#) (last modified 2014/05/09)

## (Rで)塩基配列解析

(last modified 2018/05/17, since 2010)

このウェブページのR関連部分は、[インストール | について](#)の推奨手順(Windows2018.03.12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)

### What's new?

- 「[H29年度NGSハンズオン講習会](#)」の[報告書](#)が公開されました。(2018/05/17) **NEW**
- Silhouetteスコアの新たな使い道提唱論文([Zhao et al., Biol. Proc. Online, 2018](#))の使い方を「解析 | 一般 | [Silhouette scores\(シルエットスコア\)](#)」に示しました。(2018/03/01)
- Silhouetteスコアの新たな使い道提唱論文([Zhao et al., Biol. Proc. Online, 2018](#))がpublishされました。(2018/03/01)
- 「平成29年度NGSハンズオン講習会」の[動画](#)が公開されています。(2018/03/01)

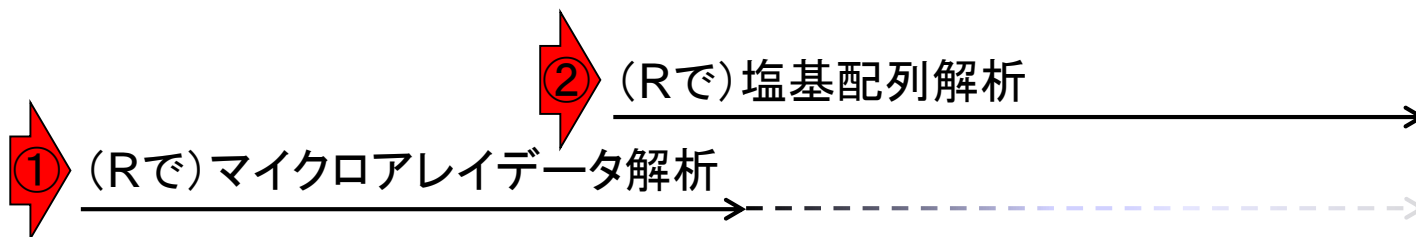
- [門田からメール返信をもらえない場合は](#) (last modified 2016/08/23)
- [はじめに](#) (last modified 2015/03/31)
- 参考資料 | [書籍、学会誌](#) (last modified 2017/11/13)
- 参考資料 | [講習会、講義、講演資料](#) (last modified 2018/04/16)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/04/03)
- [インストール | について](#) (last modified 2018/03/12)
- インストール | R本体 | 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 2018/05/11) 推奨 **NEW**
- 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)
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限\(数GB?\)](#) (last modified 2015/05/25)
- インストール | Rパッケージ | [個別](#) (last modified 2015/06/10)
- (削除予定)Rのインストールと起動 (last modified 2016/02/21)

[トップページへ](#)



# 2つのウェブページ

アグリバイオの全体方針(Rを使う)に従って、ハンズオン(ノートPCを用いて手を動かす)講義を私が心穏やかに行うために作り込んできたのがこれらのページ。



年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	109	149	147	148
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	22	24	23	16
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	54	34	21	27
合計	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>	<b>185</b>	<b>207</b>	<b>191</b>	<b>191</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13	12	12
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0	0	0
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20	28	12

2つのウェブページを半年かけて(2013年7-12月頃)体系的にまとめた③教科書を④H26年度?!より使用

# ウェブページの本



年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	109	149	147	148
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	22	24	23	16
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	54	34	21	27
<b>合計</b>	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>	<b>185</b>	<b>207</b>	<b>191</b>	<b>191</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13	12	12
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0	0	0
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20	28	12

# 教科書と完璧に対応

①この教科書の、②マイクロアレイ関連の項目は、③の赤枠内で提供しています

## (Rで)マイクロアレイデータ解析

(last modified 2017/09/25, since 2005)

### What's new?

- 「前処理 | ID変換 | [probe ID -> gene symbol](#)」の例題2以降のコードを改良しました。具体的には、「2つの入力ファイルの1列目の probe ID情報の対応がとれる(同じ行の位置でなくても)」のように書いていましたが、実際には同じ行の位置でなければいけなかったことが判明したのコードについてバグの修正を行いました(川路啓太氏 提供情報)。(2017/09/22)
- 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。マイクロアレイ演資料なども(Rで)塩基配列解析中の参考資料(講義、講習会、本など)から辿れます。(2014

- [はじめに](#) (last modified 2014/05/14)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2017/09/22)
- [インストール | について](#) (last modified 2015/04/02)
- 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 2015/04/01)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 2015/03/22)
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ\(教GB?\)](#) (last modified 2017/03/08)推
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限\(教GB?\)](#) (last modified 2015/05/25)
- インストール | Rパッケージ | [個別](#) (last modified 2015/10/17)
- (削除予定)[Rのインストールと起動](#) (last modified 2014/05/14)
- (削除予定)[Rの昔のバージョンのインストール](#) (last modified 2012/04/07)
- [使用例\(初心者向け\)](#) (last modified 2011/09/15)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2017/03/10)
- [書籍 | について](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.1 はじめに](#) (last modified 2014/05/09)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.1 原理\(Affymetrix 3'発現アレイ\)](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.2 最近の知見](#) (last modified 2014/05/09)



[インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2015/03/22)

[インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2015/04/01)

[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 2015/03/22)

[インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ\(教GB?\)](#) (last modified 2017/03/08)推

[インストール | Rパッケージ | 必要最小限\(教GB?\)](#) (last modified 2015/05/25)

[インストール | Rパッケージ | 個別](#) (last modified 2015/10/17)

(削除予定)[Rのインストールと起動](#) (last modified 2014/05/14)

(削除予定)[Rの昔のバージョンのインストール](#) (last modified 2012/04/07)

[使用例\(初心者向け\)](#) (last modified 2011/09/15)

[サンプルデータ](#) (last modified 2017/03/10)

[書籍 | について](#) (last modified 2014/05/12)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.1 はじめに](#) (last modified 2014/05/09)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.1 原理\(Affymetrix 3'発現アレイ\)](#) (last modified 2014/05/12)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.2 最近の知見](#) (last modified 2014/05/09)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.1 生データ\(グローブレベルデータ\)取得](#) (last modified 2014/04/18)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2 データの正規化\(基礎\)](#) (last modified 2014/04/17)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.3 データの正規化\(計算例\)](#) (last modified 2014/04/18)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.4 データの正規化\(その他\)](#) (last modified 2014/04/18)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.5 アノテーション情報](#) (last modified 2014/04/18)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.1 クラスティング\(データ変換や距離の定義など\)](#) (last modified 2014/05/16)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2 実験デザイン、データ分布、統計解析との関係](#) (last modified 2014/04/18)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.3 多重比較問題](#) (last modified 2014/04/19)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.4 各種プロット\(M-A plotや平均-分散プロットなど\)](#) (last modified 2014/04/19)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.1.2 群間比較](#) (last modified 2014/04/19)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.2.2 他の実験デザイン\(paired, multi-factor, 3群間\)](#) (last modified 2014/04/19)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.2.3 多群間比較\(特異的発現パターン\)](#) (last modified 2014/04/20)

イントロ | 発現データ取得 | [公共DBから](#) (last modified 2014/05/11)

イントロ | 発現データ取得 | [inSilicoDb\(Taminau 2011\)](#) (last modified 2015/05/11)

イントロ | 発現データ取得 | [ArrayExpress\(Kauffmann 2009\)](#) (last modified 2015/05/11)推奨

イントロ | 発現データ取得 | [GEOquery\(Davis 2007\)](#) (last modified 2013/08/20)

イントロ | アノテーション情報取得 | [公共DB\(GEO\)から](#) (last modified 2013/08/18)

イントロ | アノテーション情報取得 | [GEOquery\(Davis 2007\)](#) (last modified 2017/03/08)推奨

イントロ | アノテーション情報取得 | [Rのパッケージ\\*.dbから](#) (last modified 2014/06/02)

イントロ | プロローブ配列情報取得 | [Rのパッケージから](#) (last modified 2013/08/16)

イントロ | トランスクリプトーム配列取得 | [biomaRt\(Durinck 2009\)](#) (last modified 2013/09/18)推奨

# 教科書と完璧に対応

例えば、①1.1 はじめにの  
リンク先は…

## (Rで)マイクロアレイデータ解析

(last modified 2017/09/25, since 2005)

### What's new?

- 「前処理 | ID変換 | [probe ID -> gene symbol](#)」の例題2以降のコードを改良しました。具体的には、「2つの入力ファイルの1列目の probe ID情報の対応がとれる(同じ行の位置でなくても)」のように書いていましたが、実際には同じ行の位置でなければいけなかったことが判明したのコードについてバグの修正を行いました(川路啓太氏 提供情報)。(2017/09/22)
- 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。マイクロアレイ演資料なども(Rで)塩基配列解析中の参考資料(講義、講習会、本など)から辿れます。(2014

- [はじめに](#) (last modified 2014/05/14)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2017/09/22)
- [インストール | について](#) (last modified 2015/04/02)
- 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 2015/04/01) 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 2015/03/22)
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ\(教GB?\)](#) (last modified 2017/03/08) 推
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限\(教GB?\)](#) (last modified 2015/05/25)
- インストール | Rパッケージ | [個別](#) (last modified 2015/10/17)
- (削除予定) [Rのインストールと起動](#) (last modified 2014/05/14)
- (削除予定) [Rの昔のバージョンのインストール](#) (last modified 2012/04/07)
- [使用例\(初心者向け\)](#) (last modified 2011/09/15)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2017/03/10)
- [書籍 | について](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.1 はじめに](#) (last modified 2014/05/09)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.1 原理\(Affymetrix 3'発現アレイ\)](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.2 最近の知見](#) (last modified 2014/05/09)



### トランスクリプトーム解析

- インストール | R本体 | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2015/03/22)
- インストール | R本体 | 最新版 | [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 2015/03/22)
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限プラスアルファ\(教GB?\)](#) (last modified 2017/03/08) 推
- インストール | Rパッケージ | [必要最小限\(教GB?\)](#) (last modified 2015/05/25)
- インストール | Rパッケージ | [個別](#) (last modified 2015/10/17)
- (削除予定) [Rのインストールと起動](#) (last modified 2014/05/14)
- (削除予定) [Rの昔のバージョンのインストール](#) (last modified 2012/04/07)
- [使用例\(初心者向け\)](#) (last modified 2011/09/15)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2017/03/10)
- [書籍 | について](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.1 はじめに](#) (last modified 2014/05/09)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.1 原理\(Affymetrix 3'発現アレイ\)](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.2 最近の知見](#) (last modified 2014/05/09)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.1 生データ\(グローバルレベルデータ\)取得](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.2 データの正規化\(基礎\)](#) (last modified 2014/04/17)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.3 データの正規化\(計算例\)](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.4 データの正規化\(その他\)](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.5 アノテーション情報](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.1 クラスターリング\(データ変換や距離の定義など\)](#) (last modified 2014/05/16)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.2 実験デザイン、データ分布、統計解析との関係](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.3 多重比較問題](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.4 各種プロット\(M-A plotや平均-分散プロットなど\)](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.2.1 2群間比較](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.2.2 他の実験デザイン\(paired, multi-factor, 3群間\)](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.2.3 多群間比較\(特異的発現パターン\)](#) (last modified 2014/04/20)
- イントロ | 発現データ取得 | [公共DBから](#) (last modified 2014/05/11)
- イントロ | 発現データ取得 | [inSilicoDb\(Taminau 2011\)](#) (last modified 2015/05/11)
- イントロ | 発現データ取得 | [ArrayExpress\(Kauffmann 2009\)](#) (last modified 2015/05/11) 推奨
- イントロ | 発現データ取得 | [GEOquery\(Davis 2007\)](#) (last modified 2013/08/20)
- イントロ | アノテーション情報取得 | [公共DB\(GEO\)から](#) (last modified 2013/08/18)
- イントロ | アノテーション情報取得 | [GEOquery\(Davis 2007\)](#) (last modified 2017/03/08) 推奨
- イントロ | アノテーション情報取得 | [Rのパッケージ\\*.dbから](#) (last modified 2014/06/02)
- イントロ | プローブ配列情報取得 | [Rのパッケージから](#) (last modified 2013/08/16)
- イントロ | トランスクリプトーム配列取得 | [biomaRt\(Durinck 2009\)](#) (last modified 2013/09/18) 推奨





# 教科書と完璧に対応

例えば、①1.1 はじめにの  
リンク先は、②こんな感じ

書籍 | トランスクリプトーム解析 | 1.1 はじめに

シリーズ Useful R 第7巻トランスクリプトーム解析のp1-3です。

p1:

- ヒトゲノム: [UCSCの大元](#)
- ヒトゲノム: [Feb. 2009\(hg19, GRCh37\)](#) (書籍執筆時のバージョンはこれ)
- ヒトゲノム: [Dec. 2013\(hg38, GRCh38\)](#) (2014年5月9日現在の最新バージョン)
- ジストロフィン(dystrophin): [Monaco et al., Nature, 1986](#)
- ジストロフィン(dystrophin): [NC 000023.10](#) (書籍執筆時のバージョンはこれ)
- ジストロフィン(dystrophin): [NC 000023.11](#) (2014年5月9日現在の最新バージョン)

p2:

- [FANTOM](#): Functional Annotation of the mammalian genomeの略
- [FANTOM5](#): [FANTOM Consortium et al., Nature, 2014](#)
- [ENCODE](#): Encyclopedia of DNA Elementsの略
- [ENCODE](#): [ENCODE Project Consortium et al., Nature, 2012](#)
- [GENCODE](#): [Harrow et al., Genome Biol., 2006](#)

p3:

書籍中での言及はないが、DBCLS SRAも便利なので追加しています。

- [GEO](#): [Barrett et al., Nucleic Acids Res., 2013](#)
- [SRA](#): Sequence Read Archiveの略
- [DDBJ SRA\(DRA\)](#): [Kodama et al., Nucleic Acids Res., 2012](#)
- [DBCLS SRA](#): [Nakazato et al., PLoS One, 2013](#)

トランスクリプトーム解析

- インストール | R本体 | 2015/03/22
- インストール | R本体 | 過去バージョン | 2015/03/22
- インストール | Rパッケージ | last modified 2015/03/22
- インストール | Rパッケージ | [R \(教GB?\)](#) (last modified 2017/03/08) 推奨
- インストール | Rパッケージ | last modified 2015/05/25
- インストール | Rパッケージ | last modified 2010/17
- (削除予定)Rのインストールと起動 (last modified 2014/05/14)
- (削除予定)Rの昔のバージョンのインストール (last modified 2012/04/07)
- [使用例\(初心者向け\)](#) (last modified 2011/09/15)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2017/03/10)
- [書籍 | 1.1 はじめに](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.1 はじめに](#) (last modified 2014/05/09)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.1 原理\(Affinity Matrix 3'発現アレイ\)](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.2 最近の知見](#) (last modified 2014/05/09)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.1 生データ\(グローバルレベルデータ\)取得](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.2 データの正規化\(基礎\)](#) (last modified 2014/04/17)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.3 データの正規化\(計算例\)](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.4 データの正規化\(その他\)](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.5 アンテーション情報](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.1 クラスターリング\(データ変換や距離の定義など\)](#) (last modified 2014/05/16)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.2 実験デザイン, データ分布, 統計解析との関係](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.3 多重比較問題](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.4 各種プロット \(M-A plotや平均-分散プロットなど\)](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.2.1 2群間比較](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.2.2 他の実験デザイン \(paired, multi-factor, 3群間\)](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.2.3 多群間比較\(特異的発現パターン\)](#) (last modified 2014/04/20)
- イントロ | 発現データ取得 | [公共DBから](#) (last modified 2014/05/11)
- イントロ | 発現データ取得 | [inSilicoDb\(Taminau 2011\)](#) (last modified 2015/05/11)
- イントロ | 発現データ取得 | [ArrayExpress\(Kauffmann 2009\)](#) (last modified 2015/05/11) 推奨
- イントロ | 発現データ取得 | [GEOquery\(Davis 2007\)](#) (last modified 2013/08/20)
- イントロ | アンテーション情報取得 | [公共DB\(GEO\)から](#) (last modified 2013/08/18)
- イントロ | アンテーション情報取得 | [GEOquery\(Davis 2007\)](#) (last modified 2017/03/08) 推奨
- イントロ | アンテーション情報取得 | [Rのパッケージ\\*.dbから](#) (last modified 2014/06/02)
- イントロ | プローブ配列情報取得 | [Rのパッケージから](#) (last modified 2013/08/16)
- イントロ | トランスクリプトーム配列取得 | [biomaRt\(Durinck 2009\)](#) (last modified 2013/09/18) 推奨

# 情報のアップデート

情報の鮮度をできるかぎり保持すべく、ゲノム配列などの①バージョンアップや、②情報の追加や修正はウェブページ上で随時行っています。

The image shows a web browser window displaying a document titled "書籍 | トランスクリプトーム解析 | 1.1 はじめに". The page content is organized into sections p1, p2, and p3. Red arrows labeled with circled numbers 1 and 2 point to specific links in the text. A table of contents is visible on the right side of the page.

**p1:**

- ヒトゲノム: [UCSCの大元](#)
- ヒトゲノム: [Feb. 2009\(hg19, GRCh37\)](#) (書籍執筆時のバージョンはこれ)
- ヒトゲノム: [Dec. 2013\(hg38, GRCh38\)](#) (2014年5月9日現在の最新バージョン)
- ジストロフィン(dystrophin): [Monaco et al., Nature, 1986](#)
- ジストロフィン(dystrophin): [NC 000023.10](#) (書籍執筆時のバージョンはこれ)
- ジストロフィン(dystrophin): [NC 000023.11](#) (2014年5月9日現在の最新バージョン)

**p2:**

- [FANTOM: Functional Annotation of the mammalian genome](#)の略
- [FANTOM5: FANTOM Consortium et al., Nature, 2014](#)
- [ENCODE: Encyclopedia of DNA Elements](#)の略
- [ENCODE: ENCODE Project Consortium et al., Nature, 2012](#)
- [GENCODE: Harrow et al., Genome Biol., 2006](#)

**p3:**

書籍中での言及はないが、DBCLS SRAも便利なので追加しています。

- [GEO: Barrett et al., Nucleic Acids Res., 2013](#)
- [SRA: Sequence Read Archive](#)の略
- [DDBJ SRA\(DRA\): Kodama et al., Nucleic Acids Res., 2012](#)
- [DBCLS SRA: Nakazato et al., PLoS One, 2013](#)

**Table of Contents:**

- インストール | R本体 | 2015/03/22
- インストール | R本体 | 2015/03/22
- インストール | Rパッケージ | last modified 2015/03/22
- インストール | Rパッケージ | [\(数GB?\)](#) (last modified 2017/03/08)推奨
- インストール | Rパッケージ | last modified 2015/05/25
- インストール | Rパッケージ | 10/17
- (削除予定)Rのインストールと起動 (last modified 2014/05/14)
- (削除予定)Rの昔のバージョンのインストール (last modified 2012/04/07)
- [使用例\(初心者向け\)](#) (last modified 2011/09/15)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2017/03/10)
- [書籍 II](#)について (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.1 はじめに](#) (last modified 2014/05/09)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.1 原理\(Affymetrix 3'発現アレイ\)](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.2 最近の知見](#) (last modified 2014/05/09)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.1 生データ\(グローバルレベルデータ\)取得](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.2 データの正規化\(基礎\)](#) (last modified 2014/04/17)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.3 データの正規化\(計算例\)](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.4 データの正規化\(その他\)](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.5 アンテーション情報](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.1 クラスターリング\(データ変換や距離の定義など\)](#) (last modified 2014/05/16)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.2 実験デザイン, データ分布, 統計解析との関係](#) (last modified 2014/04/18)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.3 多重比較問題](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [3.2.4 各種プロット \(M-A plotや平均-分散プロットなど\)](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.2.1 群間比較](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.2.2 他の実験デザイン \(paired, multi-factor, 3群間\)](#) (last modified 2014/04/19)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [4.2.3 多群間比較\(特異的発現パターン\)](#) (last modified 2014/04/20)
- イントロ | 発現データ取得 | [公共DBから](#) (last modified 2014/05/11)
- イントロ | 発現データ取得 | [inSilicoDb\(Taminau 2011\)](#) (last modified 2015/05/11)
- イントロ | 発現データ取得 | [ArrayExpress\(Kauffmann 2009\)](#) (last modified 2015/05/11)推奨
- イントロ | 発現データ取得 | [GEOquery\(Davis 2007\)](#) (last modified 2013/08/20)
- イントロ | アンテーション情報取得 | [公共DB\(GEO\)から](#) (last modified 2013/08/18)
- イントロ | アンテーション情報取得 | [GEOquery\(Davis 2007\)](#) (last modified 2017/03/08)推奨
- イントロ | アンテーション情報取得 | [Rのパッケージ\\*.dbから](#) (last modified 2014/06/02)
- イントロ | プローブ配列情報取得 | [Rのパッケージから](#) (last modified 2013/08/16)
- イントロ | トランスクリプトーム配列取得 | [biomaRt\(Durinck 2009\)](#) (last modified 2013/09/18)推奨



# Contents

- アグリバイオの歴史(一兵卒の視点から)
- アグリバイオの教育プログラム
- 2つのウェブページ
  - (Rで)マイクロアレイデータ解析
  - (Rで)塩基配列解析
- バイオインフォマティクスとNGS(次世代シーケンサ)
  - テクノロジーの栄枯盛衰～マイクロアレイからRNA-seq(NGS)へ～
  - NGSハンズオン講習会(H26～29)
  - 日本乳酸菌学会誌のNGS連載(H26～)

# トランスクリプトーム解析

①この本は②フリーソフトウェアRを用いてトランスクリプトーム解析を行う教科書



```
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
R Console
> 1 + 1
[1] 2
> 100/5
[1] 20
> 8*7
[1] 56
> |
```

# トランスクリプトーム解析

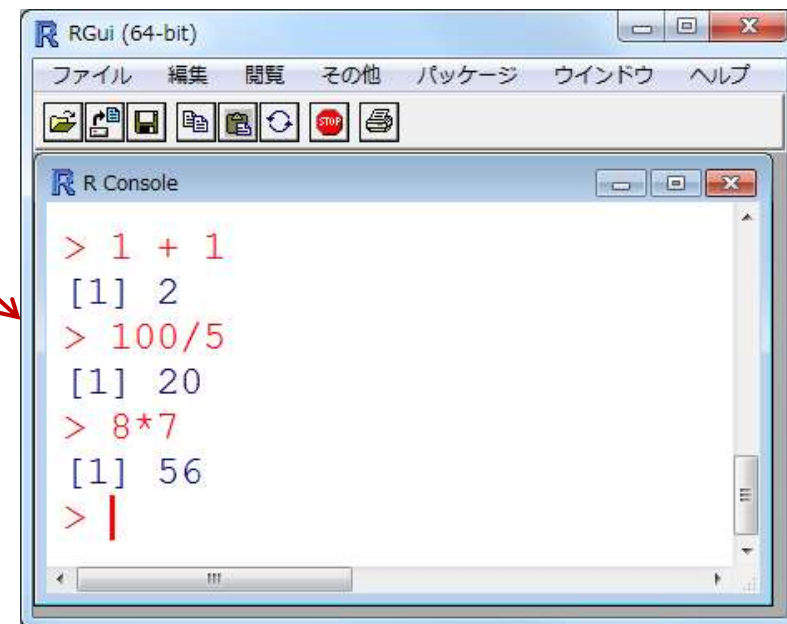
トランスクリプトーム解析手段は様々。  
Rとマイクロアレイは相性が良かった。  
Rのみで一通りの解析が可能だった。

## トランスクリプトーム解析手段

- マイクロアレイ
- SAGE
- EST
- RNA-seq(NGS)
- ...



(Rで) マイクロアレイデータ解析



# トランスクリプトーム解析

一通りのRNA-seqデータ解析をRのみで行うのは相当厳しいことは私も認識していた

## トランスクリプトーム解析手段

- マイクロアレイ
- SAGE
- EST
- RNA-seq(NGS)←
- ...



(Rで)塩基配列解析

(Rで)マイクロアレイデータ解析

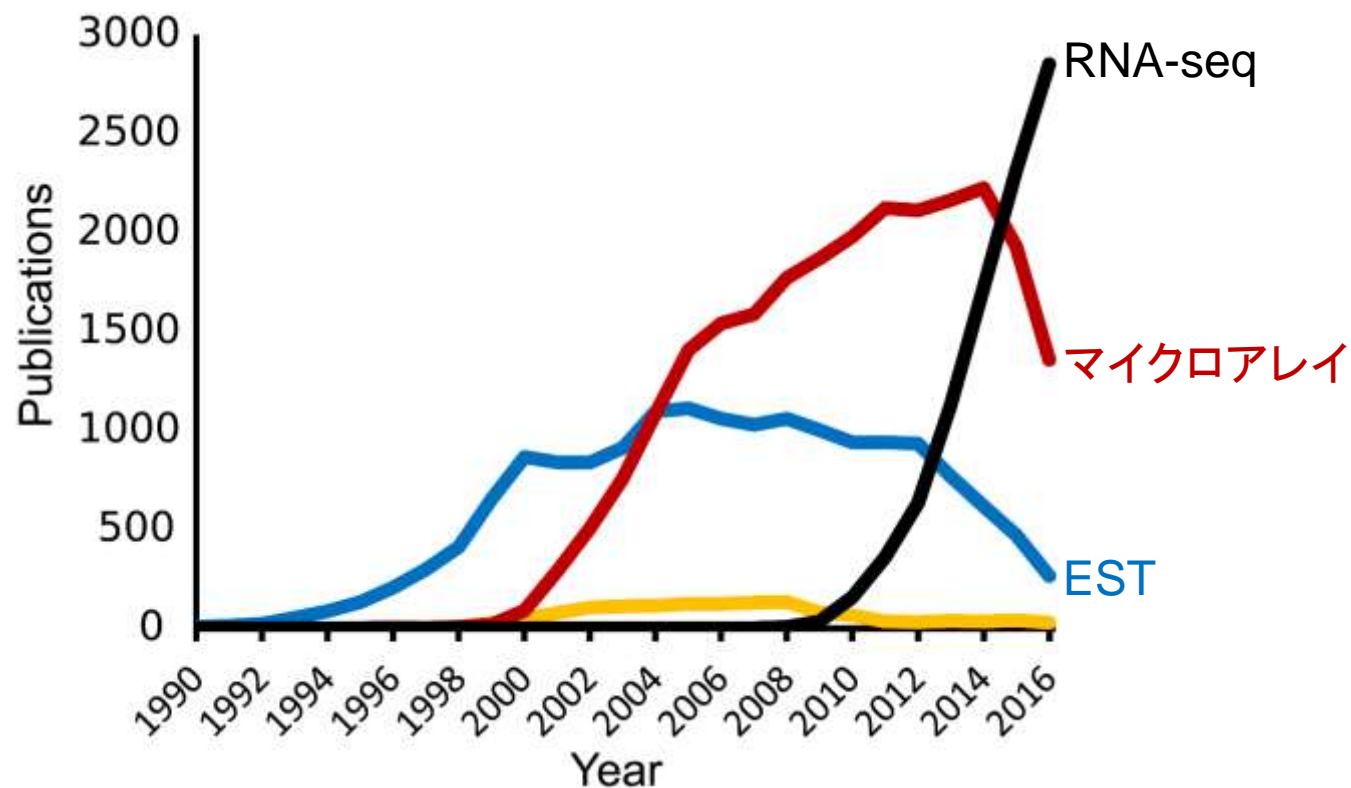


```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ
R Console
> 1 + 1
[1] 2
> 100/5
[1] 20
> 8*7
[1] 56
> |
```

# テクノロジーの栄枯盛衰

## ■ トランスクリプトーム解析手段

- マイクロアレイ
- SAGE
- EST
- RNA-seq(NGS)
- ...

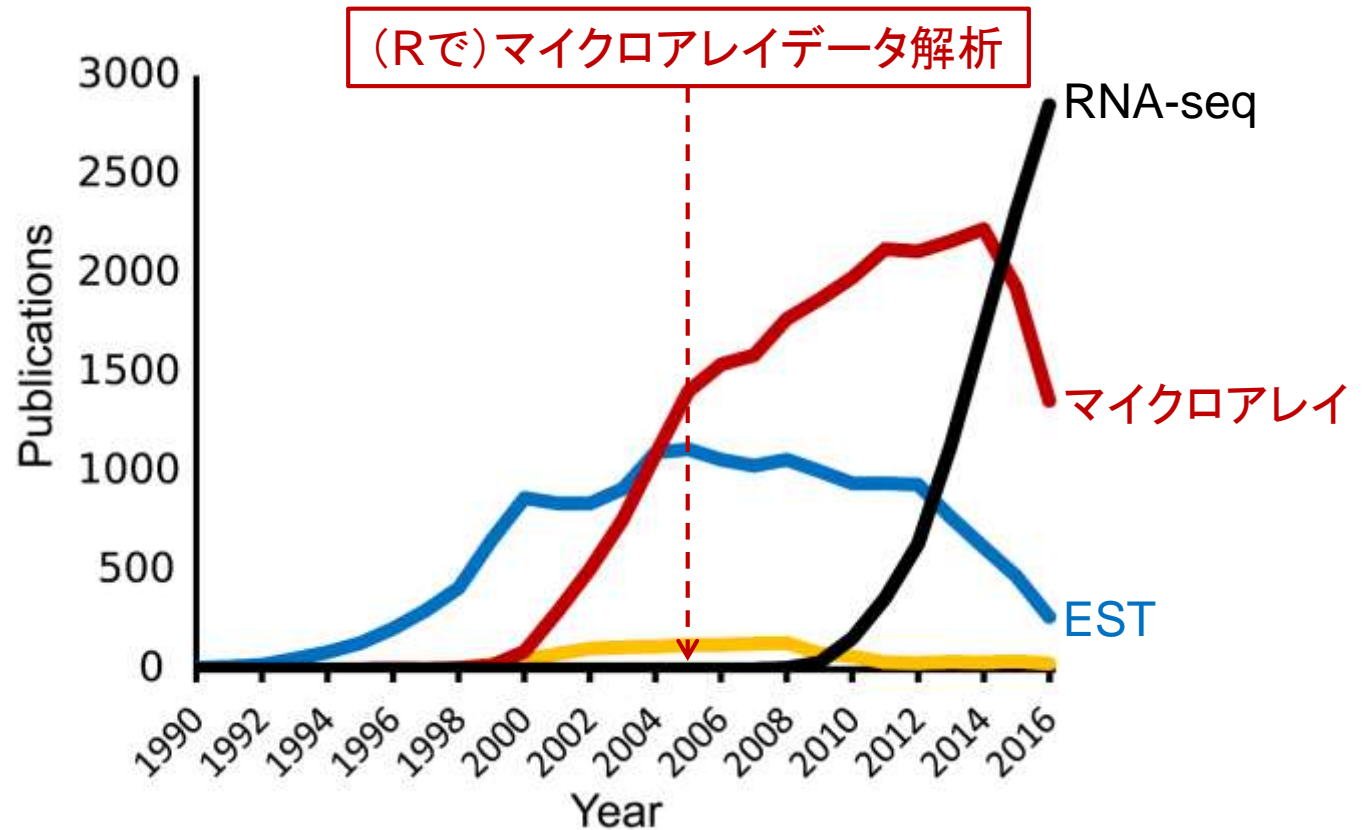




# テクノロジーの栄枯盛衰

## トランスクリプトーム解析手段

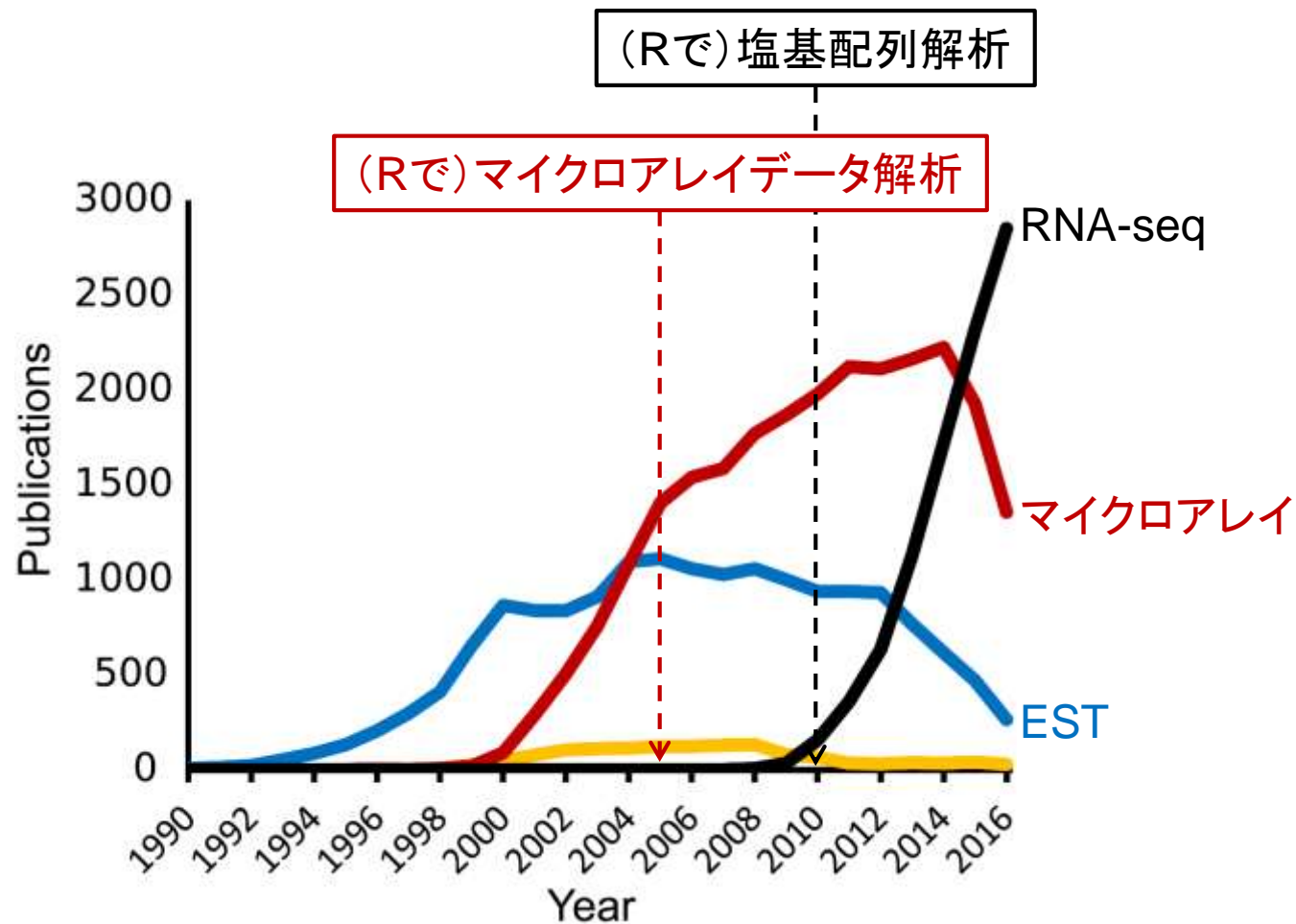
- マイクロアレイ
- SAGE
- EST
- RNA-seq(NGS)
- ...



# テクノロジーの栄枯盛衰

## トランスクリプトーム解析手段

- マイクロアレイ
- SAGE
- EST
- RNA-seq(NGS)
- ...



トランスクリプトーム解析手段ごとの原著論文数の推移。マイクロアレイからRNA-seqへ

# テクノロジーの栄枯盛衰

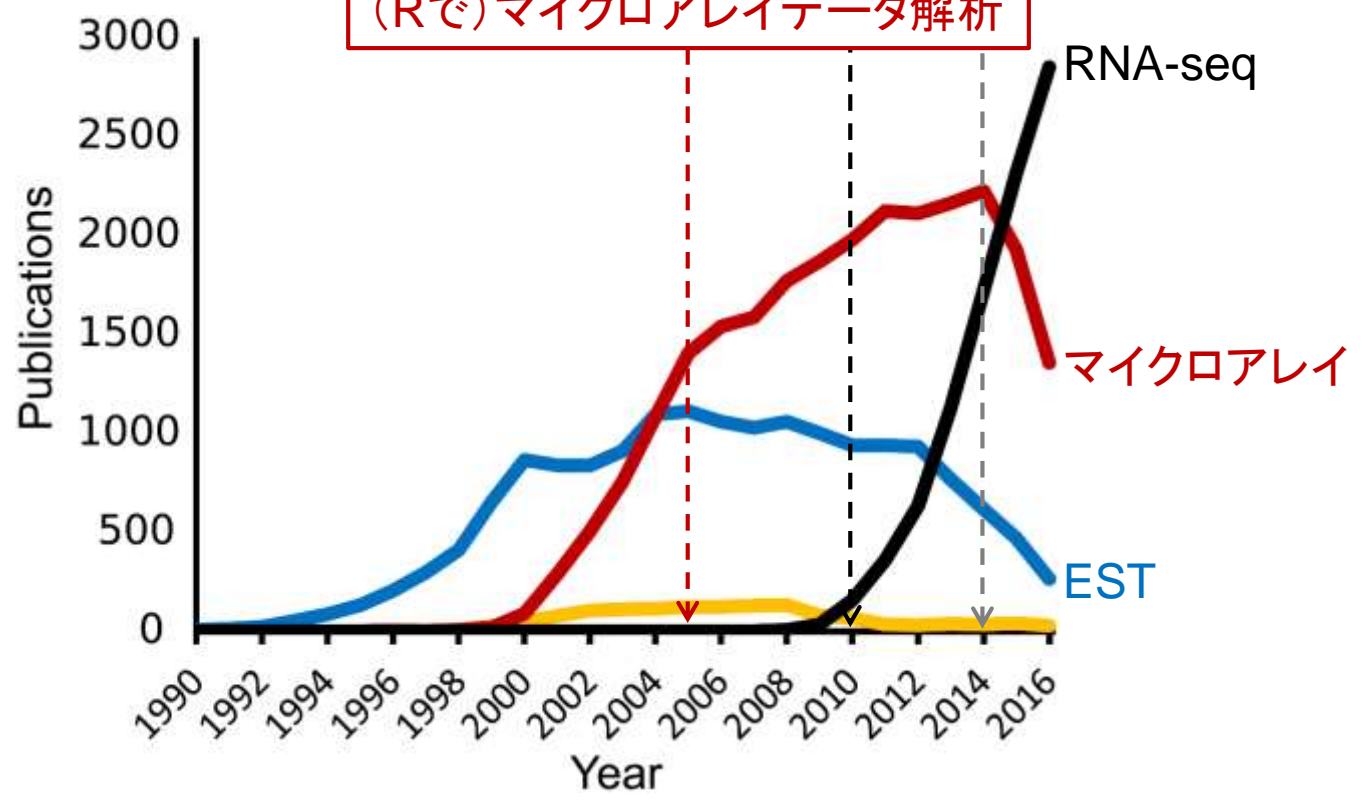
## トランスクリプトーム解析手段

- マイクロアレイ
- SAGE
- EST
- RNA-seq(NGS)
- ...



(Rで)塩基配列解析

(Rで)マイクロアレイデータ解析



# Contents

- アグリバイオの歴史(一兵卒の視点から)
- アグリバイオの教育プログラム
- 2つのウェブページ
  - (Rで)マイクロアレイデータ解析
  - (Rで)塩基配列解析
- バイオインフォマティクスとNGS(次世代シーケンサ)
  - テクノロジーの栄枯盛衰～マイクロアレイからRNA-seq(NGS)へ～
  - NGSハンズオン講習会(H26～29)
  - 日本乳酸菌学会誌のNGS連載(H26～)

# 文科省の取り組み

資料3-2

## 文科省による現在までの主な取り組み(1)

### ○JSTバイオインフォマティクス推進センター事業(BIRD) 01~10

・バイオインフォマティクスの発展及びそれを基盤とした新しい生物化学の創造を目指し、生物情報データベースの高度化・標準化、バイオインフォマティクスの創造的研究開発を実施

### ○科学技術振興調整費 新興分野人材養成 01~09

- ・1~2億円×5年間で計13機関を採択
- ・生物情報科学学部教育特別ユニット(東大)、システム生物学者育成プログラム(慶大)、ゲノム情報科学研究教育機構(京大)、システム生命化学人材養成ユニット(九大)、クリニカル・ゲノム・インフォマティクス(神戸大)、バイオ医療オミックス情報学人材養成プログラム(医科歯科大)等
- ・民間の協力を得られるか、本プログラム終了後も人材養成を継続する計画を有しているかを重視して選定

### ○21世紀COEプログラム、グローバルCOEプログラム

- ・「言語から読み解くゲノムと生命システム」(東京大学新領域創成科学研究科 他) 04~08
- ・「ゲノム情報ビッグバンから読み解く生命圏」(東京大学新領域創成科学研究科 他) 09~ 03~07
- ・「ゲノム科学の知的情報基盤研究拠点形成」(京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター)
- ・「in vivoヒト代謝システム生物学拠点」(慶應義塾大学医学部 他) 08~

### ○統合データベースプロジェクト(文部科学省委託費) 06~10

- ・散在する生命科学系データベース等を統合するための研究開発の推進等を実施。
- ・平成23年度からJSTのNBDCに役割を移管。

バイオインフォマティクス  
現在までの取組

平成23年度  
ライフサイエンス



# NBDCのサイト

NBDCによって、③NGSに特化したバイオインフォ人材育成カリキュラム(NGS用カリキュラム)が策定されています

The screenshot shows the NBDC website interface. At the top, there is a navigation bar with the NBDC logo and the text "National Bioscience Database Center". Below the logo, there is a search bar and a language selector set to "English". 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", "イベント", "人材支援", "アクセス", and "リンク". The "人材支援" menu item is highlighted with a red arrow labeled ①. Below the navigation bar, there is a breadcrumb trail: "Home > 人材支援 > 支援 > 講習会". A large red arrow labeled ② points to the main heading "バイオインフォマティクス人材育成のための講習会". Below this, there is a notice section titled "お知らせ" with the text "2018年5月 平成30年度以降、NGSハンズオン講習会は開催いたしません。". The "NGS解析" section is also visible, containing a paragraph about the need for bioinformatics talent and a list of resources. A red arrow labeled ③ points to the link "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)".

講習会 - バイオサイエンスデー... ×

https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop

NBDC National Bioscience Database Center

分散するデータベースを、まとめて、使い易く

国立研究開発法人 科学技術振興機構

English トップ

Search for... Search

ホーム NBDCについて 研究開発 公募情報 採用情報 イベント 人材支援 アクセス 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

お知らせ

2018年5月 平成30年度以降、NGSハンズオン講習会は開催いたしません。

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

- H29年度NGSハンズオン講習会 (2017年8月28日～9月1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	

# NGS速習コース

①このカリキュラムの「速習」コースを実際に2週間やったのが②H26年のNGS速習コースという講習会

講習会 - バイオサイエンス... ×

## 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 \(次世代シーケンサ\)](#) ①
  - カリキュラムで習得できる技能
  - カリキュラム フロー図
- [H29年度NGSハンズオン講習会 \(2017年8月28日～9月1日\)](#)
- [H28年度NGSハンズオン講習会 \(2016年7月19日～8月4日\)](#)
- [H27年度NGSハンズオン講習会 \(2015年7月22日～8月6日\)](#)
- [H26年度NGS速習コース講習会 \(2014年9月1日～12日\)](#) ②

サイトポリシー ログについて

Copyright© 2011 Japan Science and Technology Agency. All Rights Reserved.

# NGSハンズオン講習会

その後3年間(H27-29)、受講生のリクエストに応じて内容を変更しながら実施。例えば...

講習会 - バイオサイエンスデー... ×

https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop

## 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](#)

- [H29年度NGSハンズオン講習会 \(2017年8月28日～9月1日\)](#)
- [H28年度NGSハンズオン講習会 \(2016年7月19日～8月4日\)](#)
- [H27年度NGSハンズオン講習会 \(2015年7月22日～8月6日\)](#)
- [H26年度NGS速習コース講習会 \(2014年9月1日～12日\)](#)

[サイトポリシー](#) [ロゴについて](#)

Copyright© 2011 Japan Science and Technology Agency. All Rights Reserved.

# 2年目以降

2年目以降は座学なし。受講生の希望はハンズオン講義。講義のみなんて…

https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop

## 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](#)

- [H29年度NGSハンズオン講習会 \(2017年8月28日～9月1日\)](#) 座学なし
- [H28年度NGSハンズオン講習会 \(2016年7月19日～8月4日\)](#) 座学なし
- [H27年度NGSハンズオン講習会 \(2015年7月22日～8月6日\)](#) 座学なし
- [H26年度NGS速習コース講習会 \(2014年9月1日～12日\)](#) 座学あり

[サイトポリシー](#) [ロゴについて](#)

Copyright© 2011 Japan Science and Technology Agency. All Rights Reserved.



# 2年目以降

①NGSのバイオインフォ人材育成なんだから、②Linuxが使えてなんぼだと私は思っています。よって2年目以降は、基本的なLinuxコマンドを習得済みであることを受講必須要件としました。

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、フォー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お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

●H29年度NGSハンズオン講習会 (2017年8月28日～9月1日)	座学なし
●H28年度NGSハンズオン講習会 (2016年7月19日～8月4日)	座学なし
●H27年度NGSハンズオン講習会 (2015年7月22日～8月6日)	座学なし
●H26年度NGS速習コース講習会 (2014年9月1日～12日)	座学あり

サイトポリシー ログについて

Copyright© 2011 Japan Science and Technology Agency. All Rights Reserved.

# Linux



# 2年目

Python、統計解析を追加、講師数を減らして全体の連携を強化(10人→4人)、NGS解析(基礎、Reseq、RNA-seq、ChIP-seq)部分を増加(2.5日→4日)

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、フォー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お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

● <u>H29年度NGSハンズオン講習会 (2017年8月28日～9月1日)</u>	座学なし
● <u>H28年度NGSハンズオン講習会 (2016年7月19日～8月4日)</u>	座学なし
● <u>H27年度NGSハンズオン講習会 (2015年7月22日～8月6日)</u>	座学なし シェルスクリプト、Perl、Python
● <u>H26年度NGS速習コース講習会 (2014年9月1日～12日)</u>	座学あり シェルスクリプト、Perl

サイトポリシー ログについて

Copyright© 2011 Japan Science and Technology Agency. All Rights Reserved.

# Linux



統計解析(0.5日分)

# 3年目

https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop

講習会 - バイオサイエンス...

## 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  
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、  
フォー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  
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

● H29年度NGSハンズオン講習会 (2017年8月28日～9月1日)	座学なし	
● H28年度NGSハンズオン講習会 (2016年7月19日～8月4日)	座学なし	統計解析(3日)、NGS解析(初中級)、NGS解析(中上級)
● H27年度NGSハンズオン講習会 (2015年7月22日～8月6日)	座学なし	シェルスクリプト、Perl、Python 統計解析(0.5日)
● H26年度NGS速習コース講習会 (2014年9月1日～12日)	座学あり	シェルスクリプト、Perl

サイトポリシー ログについて  
Copyright© 2011 Japan Science and Technology Agency. All Rights Reserved.

# Linux



# 4年目

期間は1週間と短めだったが、**先進ゲノム支援**様の御協力のおかげで、**ほぼ全て新ネタ**。

https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop

## 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  
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、  
フォー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  
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

● <u>H29年度NGSハンズオン講習会 (2017年8月28日～9月1日)</u>	座学なし	ゲノムアセンブリ後の各種解析、メタゲノム、Hi-C解析
● <u>H28年度NGSハンズオン講習会 (2016年7月19日～8月4日)</u>	座学なし	統計解析(3日)、NGS解析(初中級)、NGS解析(中上級)
● <u>H27年度NGSハンズオン講習会 (2015年7月22日～8月6日)</u>	座学なし	シェルスクリプト、Perl、Python 統計解析(0.5日)
● <u>H26年度NGS速習コース講習会 (2014年9月1日～12日)</u>	座学あり	シェルスクリプト、Perl

サイトポリシー ログについて  
Copyright© 2011 Japan Science and Technology Agency. All Rights Reserved.

# Linux



①H29年度(4年目)のNGSハンズオン講習会の報告書が5/14に公開されました。②5年目はありません。

# もうやりません

Home ▶ NBDCについて ▶ ニュース ▶ 【2017NGSハンズオン講習会】実施報告書を公開しました

## 【2017NGSハンズオン講習会】実施報告書を公開しました

2018年5月14日(月)に掲載

2017年8月28日～9月1日に開催した「NGSハンズオン講習会」の実施報告書を公開しました。各日の講義概要、受講者を対象としたアンケートの結果などを掲載しています。

2017NGSハンズオン講習会 実施報告書  
[https://biosciencedbc.jp/gadget/human/h29\\_ngs\\_report.pdf](https://biosciencedbc.jp/gadget/human/h29_ngs_report.pdf)

講習会の概要:  
2017年度NGSハンズオン講習会  
<https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop/h29>  
会場：東京大学農学部2号館2階第1講義室  
日時：2017年8月28日(月)～9月1日(金) 10:30-18:15  
※上記ページにて講義資料・動画を掲載しています。

なお、NGSハンズオン講習会は、今年度以降実施いたしません。

本講習会は、東京大学の門田特任准教授との共同研究に基づき、2014年から実施してまいりました。4か年度でのべ381名に受講いただき、毎回好評いただきました。受講者の皆様および講習会開催にご尽力頂いた皆様方に、この場を借りて御礼申し上げます。

これまでに実施した講義の資料や動画は今後も以下からご参照頂けますので、ぜひご利用ください。  
<https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop/>

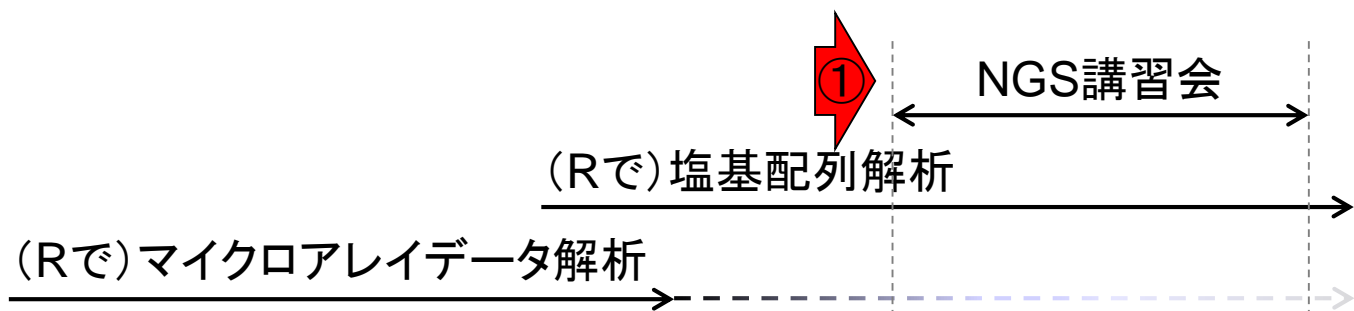


# Contents

- アグリバイオの歴史(一兵卒の視点から)
- アグリバイオの教育プログラム
- 2つのウェブページ
  - (Rで)マイクロアレイデータ解析
  - (Rで)塩基配列解析
- バイオインフォマティクスとNGS(次世代シーケンサ)
  - テクノロジーの栄枯盛衰～マイクロアレイからRNA-seq(NGS)へ～
  - NGSハンズオン講習会(H26～29)
  - 日本乳酸菌学会誌のNGS連載(H26～)

# 活動の歴史

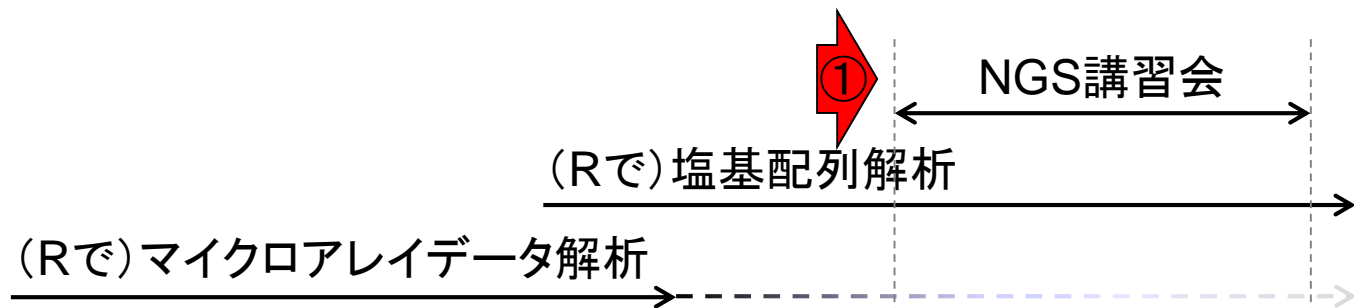
①大人数で行うNGSハンズオン講習会の枠組みでは実施が困難な事柄もあります。



年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	109	149	147	148
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	22	24	23	16
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	54	34	21	27
合計	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>	<b>185</b>	<b>207</b>	<b>191</b>	<b>191</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13	12	12
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0	0	0
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20	28	12

# 活動の歴史

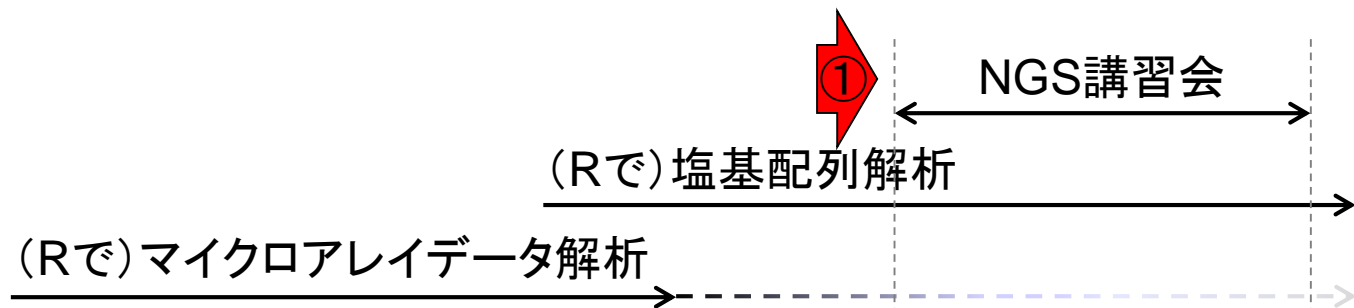
①大人数で行うNGSハンズオン講習会の枠組みでは実施が困難な事柄もあります。具体的には、時間がかかるNGS生データのダウンロードやその後の処理、



年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	109	149	147	148
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	22	24	23	16
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	54	34	21	27
合計	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>	<b>185</b>	<b>207</b>	<b>191</b>	<b>191</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13	12	12
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0	0	0
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20	28	12

# 活動の歴史

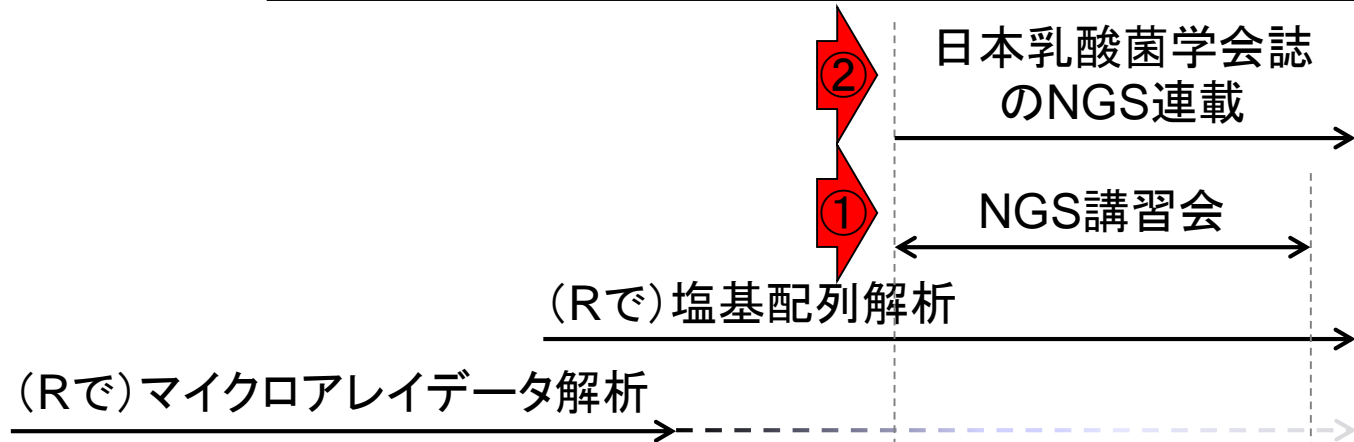
①大人数で行うNGSハンズオン講習会の枠組みでは実施が困難な事柄もあります。具体的には、時間がかかるNGS生データのダウンロードやその後の処理、時間が読めないウェブツールを用いたアセンブリの実行などが挙げられます。



年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	109	149	147	148
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	22	24	23	16
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	54	34	21	27
合計	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>	<b>185</b>	<b>207</b>	<b>191</b>	<b>191</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13	12	12
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0	0	0
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20	28	12

# 活動の歴史

①大人数で行うNGSハンズオン講習会の枠組みでは実施が困難な事柄もあります。具体的には、時間がかかるNGS生データのダウンロードやその後の処理、時間が読めないウェブツールを用いたアセンブリの実行などが挙げられます。それらは、②日本乳酸菌学会誌のNGS連載の枠組みで情報提供しています。

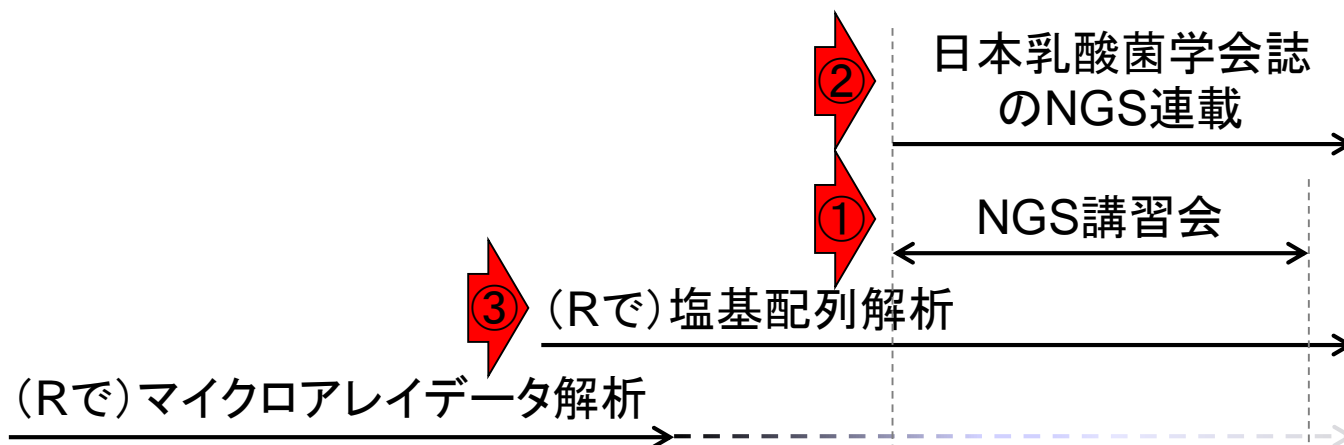


年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	109	149	147	148
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	22	24	23	16
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	54	34	21	27
合計	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>	<b>185</b>	<b>207</b>	<b>191</b>	<b>191</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13	12	12
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0	0	0
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20	28	12



# (Rで)塩基配列解析

①NGS講習会(特に私の担当する部分)や、  
②NGS連載記事のPDFおよび詳細なウェブ資料は、③(Rで)塩基配列解析から得られます。



年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	109	149	147	148
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	22	24	23	16
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	54	34	21	27
<b>合計</b>	<b>20</b>	<b>75</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>75</b>	<b>80</b>	<b>130</b>	<b>140</b>	<b>169</b>	<b>169</b>	<b>185</b>	<b>207</b>	<b>191</b>	<b>191</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13	13	12	12
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2	2	2	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1	1	0	0	0
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14	18	20	28	12





# NGS連載ならでは

①ロングリードの代表格であるPacBioデータの *de novo* アセンブリは数百GB程度のメモリを要します。第7回では、**DDBJ Pipeline (ウェブツール)**を用いた解析手順を示しています。

- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [について](#) (last modified 2018/05/10) **NEW**
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第1回イントロダクション](#) (last modified 2016/12/22)
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第2回GUI環境からコマンドライン環境へ](#) (last modified 2015/11/26)
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第3回Linux環境構築からNGSデータ取得まで](#) (last modified 2017/07/02)
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第4回クオリティコントロールとプログラムのインストール](#) (last modified 2018/05/10) **NEW**
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第5回アセンブル、マッピング、そしてQC](#) (last modified 2017/06/25)
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第6回ゲノムアセンブリ](#) (last modified 2017/06/21)
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第7回ロングリードアセンブリ](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第8回アセンブリ後の解析](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第9回ゲノムアノテーションとその可視化、DDBJへの登録](#) (last modified 2017/03/13)
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第10回DDBJへの塩基配列の登録\(後編\)](#) (last modified 2017/06/28)
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第11回統合データ解析環境Galaxy](#) (last modified 2017/11/13)
- 書籍 | [日本乳酸菌学会誌](#) | [第12回Galaxy:ヒストリーとワークフロー](#) (last modified 2018/03/23)

最近では、他のクラウド解析環境(ウェブツール)の代表格である①Galaxyの利用法について解説しています。

# NGS連載ならでは

- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | について](#) (last modified 2018/05/10) **NEW**
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第1回イントロダクション](#) (last modified 2016/12/22)
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第2回GUI環境からコマンドライン環境へ](#) (last modified 2015/11/26)
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第3回Linux環境構築からNGSデータ取得まで](#) (last modified 2017/07/02)
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第4回クオリティコントロールとプログラムのインストール](#) (last modified 2018/05/10) **NEW**
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第5回アセンブル、マッピング、そしてQC](#) (last modified 2017/06/25)
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第6回ゲノムアセンブリ](#) (last modified 2017/06/21)
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第7回ロングリードアセンブリ](#) (last modified 2017/06/28)
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第8回アセンブリ後の解析](#) (last modified 2017/06/28)
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第9回ゲノムアノテーションとその可視化、DDBJへの登録](#) (last modified 2017/03/13)
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第10回DDBJへの塩基配列の登録\(後編\)](#) (last modified 2017/06/28)
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第11回統合データ解析環境Galaxy](#) (last modified 2017/11/13)
- [書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | 第12回Galaxy:ヒストリーとワークフロー](#) (last modified 2018/03/23)





# 謝辞

①地味～なタイトルですが、重要性を認識していただいた審査委員の皆様にご礼申し上げますm(\_ \_)m。また、NBDCをはじめとしたNGS講習会、アグリバイオ本体、そして(Rで)のウェブサイトにも有意義な助言をいただいた関係諸氏にご礼申し上げます。

← → K https://kaken.nii.ac.jp/ja/grant/KAKENHI-PROJECT-18K11... 検索...

KAKEN — 研究課題をさがす |... ×

**KAKEN** 研究課題をさがす 研究者をさがす 日本語 ▾

## ウェブサイト「(Rで)塩基配列解析」の情報更新・拡充

研究課題/領域番号	18K11521
研究種目	<a href="#">基盤研究(C)</a>
配分区分	基金
応募区分	一般
審査区分	<a href="#">小区分62010:生命、健康および医療情報学関連</a>
研究機関	<a href="#">東京大学</a>
研究代表者	<a href="#">門田 幸二</a> 東京大学, 農学生命科学研究科, 准教授 (60392221)
研究期間 (年度)	2018-04-01 – 2021-03-31
研究課題ステータス	<a href="#">採択(2018年度)</a>
配分額 <small>*注記</small>	4,550千円 (直接経費: 3,500千円、間接経費: 1,050千円) 2020年度: 1,170千円 (直接経費: 900千円、間接経費: 270千円) 2019年度: 1,560千円 (直接経費: 1,200千円、間接経費: 360千円) 2018年度: 1,820千円 (直接経費: 1,400千円、間接経費: 420千円)



# 謝辞

①地味～なタイトルですが、重要性を認識していただいた審査委員の皆様にご礼申し上げますm(\_ \_)m。また、NBDCをはじめとしたNGS講習会、アグリバイオ本体、そして(Rで)のウェブサイトにも有意義な助言をいただいた関係諸氏にご礼申し上げます。本科研費申請書の②概要にも書いていますが、私の役割がある限り、③これからも地味～な活動を中心に裏方として頑張ります！

The screenshot shows the KAKEN website interface. At the top, there is a navigation bar with 'KAKEN' logo, search options for '研究課題をさがす' and '研究者をさがす', and a language dropdown set to '日本語'. The main heading is 'ウェブサイト「(Rで)塩基配列解析」の情報更新・拡充'. Below this, a table lists project details. A red box highlights the '研究内容' (Research Content) section, which contains the text: 'ウェブサイト「(Rで)塩基配列解析」は、申請者が提供している主に次世代シーケンサ(NGS)データ解析をフリーソフトウェアRで効率的に行うための包括的な情報サイトである。データ解析の手法選択に関するガイドラインや豊富な解析例を提供しており、数多くのNGS解析実務者が日常的に利用している。しかし、提供情報の増大に伴って、参照元プログラムのバージョンアップやリンク切れへの対応などが追いつかず、情報の劣化が深刻な課題となっている。そこで本研究では、(Rで)塩基配列解析の安定的な提供を目指し、大規模な情報更新を行う。また、本サイトの情報拡充の一環として、ユーザからの要望の多い発現変動解析手法の新規開発も行う。最新の解析ガイドラインおよび解析例を本サイトから提供することで、実験系研究者自身によるデータ解析を助け、日本全体の研究力向上に貢献し続ける。' Below the highlighted text, there is a table of financial data for the years 2020, 2019, and 2018.

研究課題/競争型	18K14524
研究種目	
配分区分	
応募区分	
審査区分	
研究機関	
研究代表者	
研究期間(年度)	
研究課題ステータス	
配分額*注記	

2020年度：1,170千円(直接経費：900千円、間接経費：270千円)  
2019年度：1,560千円(直接経費：1,200千円、間接経費：360千円)  
2018年度：1,820千円(直接経費：1,400千円、間接経費：420千円)



③