

バイオインフォマティクス ～ 概論とRの基礎～

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/>

計3回の予定講義内容

■ バイオインフォマティクス: 概論とRの基礎(1/25)

バイオインフォマティクスを学ぶ上でのRの位置づけや、基本的な利用法に関する本当に極初級者向けの解説

■ バイオインフォマティクス: Rパッケージの話(2/22)

Rを利用する際によく聞くパッケージというものの概念的な話や、どのようにして利用したいパッケージを見つけ出すかなどのお話。

■ バイオインフォマティクス: 解析結果の解釈など(3/15)

ガン vs. 正常などの状態の異なるグループ間でのクラスタリングや発現変動解析を行う実例や結果の解釈についての解説。Rを覚える時間がないヒトでもウェブツールを利用して同様の解析ができる話など。

資料はコチラ

①ググって、②私のホームページの、
③講義、のところに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・論文など](#) (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

講義 NEW

- [東大・院農・アグリバイオ](#)「バイオスタティスティクス基礎論」(2006-2008年度、分担)
- [東大・院農・アグリバイオ](#)「農学生命情報科学実習I」(2005-2008年度、分担)
- [東大・院農・アグリバイオ](#)「機能ゲノム学」(2005-2008年度は分担、2014-2018年度)
- [東大・院農・アグリバイオ](#)「バイオインフォマティクス基礎実習」(2004-2008年度、分担)
- [東大・院農・アグリバイオ](#)「プロテオーム情報学」(2009年度、分担)
- [東大・院農・アグリバイオ](#)「バイオインフォマティクスリテラシーII」(2009年度、分担)
- [東大・院農・アグリバイオ](#)「ゲノム情報解析基礎」(2010-2018年度、分担)
- [東大・院農・アグリバイオ](#)「オーム情報解析」(2010-2013年度、分担)
- [東大・院農・アグリバイオ](#)「農学生命情報科学特論I」(2010-2014年度は分担、2015-2016年度、2018年度)
- [東大・院農・アグリバイオ](#)「農学生命情報科学特論II」(2016年度)
- [東大・院農・アグリバイオ](#)「農学生命情報科学特論III」(2011, 2013年度、分担)
- 東大・院農「情報生命工学」(1コマ; 2003, 2005, 2009年度)
- 東大・農学部「生物情報工学」(2コマ; 2005-2007年度)
- 東大・農学部「生物情報科学」(1コマ; 2008-2015年度)
- 東大・農学部「生物情報科学I」(1コマ; 2016-2017年度)
- 東大・農学部展開科目「バイオインフォマティクス」(2016-2017年度、分担)
- [バイオインフォマティクス人材育成講座](#) [スタンダードコース](#)「[バイオインフォマティクス 次世代シーケンサー編](#)」(4コマ; 2011年度; 於沖縄工業高等専門学校(沖縄); 2011.10.15)
- [琉球大学・農学部](#)「[食品機能科学特別講義I](#)」(3コマ; 2012年度; [H24年度バイオインフォマティクス・スタンダードコース](#)の一環; 2012.09.06; 「[講義資料](#)」; 「[課題](#)」)
- [奈良先端科学技術大学院大学\(NAIST\)](#)・[バイオサイエンス研究科](#)「[ゲノム機能解析特論](#)」(2013年度; [NAIST植物グローバル教育プロジェクト](#)・[平成25年度ワークショップ](#)の一環; 2013.06.06; 「[ゲノム・トランスクリプトームの各種解析をRで行う](#)」)
- [奈良先端科学技術大学院大学\(NAIST\)](#)・[バイオサイエンス研究科](#)「[ゲノム機能解析特論](#)」(2014年度; [NAIST植物グローバル教育プロジェクト](#)・[平成26年度ワークショップ](#)の一環; 2014.06.12; 「[\(Rで\)塩基配列解析の利用法: GC含量計算から発現変動解析まで](#)」)
- [横浜国立大学](#)・[大学院医学研究科](#)「[ゲノム医学](#)」: [第1回](#)(2019.01.25), [第2回](#)(2019.02.22), [第3回](#)(2019.03.15)

資料はコチラ

門田 幸二のホームページ

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**

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

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

[Biochem Biophys Res Commun. 2002 Aug 16;296\(2\):497-506.](#)

Identification of genes regulating colorectal carcinogenesis by using the algorithm for diagnosing malignant state method.

Ichikawa Y¹, Ishikawa T, Takemura S, Hamaguchi Y, Morita T, Nishizuka I, Yamaguchi S, Endo I, Ike H, Togo S, Oki S, Shimada H, Kadota K, Nakamura S, Goto H, Nitanda H, Satomi S, Sakai T, Narita I, Gejyo F, Tomaru Y, Shimizu K, Hayashizaki Y, Okazaki Y.

⊕ Author information

Abstract

We studied the expression profiles of various stages of colorectal tumors (adenoma (AD), seven samples; carcinoma (CA), 16 samples) by using cDNA microarrays and developed ADMS (algorithm for diagnosing malignant state) method, selecting 335 clones characteristic of CA state. We, then, applied ADMS to 12 additional samples (five from primary lesions with metastasis and seven metastases); all 16 CAs and 12 metastatic tumors were diagnosed correctly as cancerous states. Although three of the seven ADs were diagnosed as "cancerous," the large size of two of these tumors suggested their potential malignancy. Our strategy for selecting clones characteristic of the malignant state is widely applicable to diagnosis and for predicting the stage of progression during multistep carcinogenesis. Of the 335 clones we selected, 135 were known genes. Included in the 135 genes were tumor suppressor and growth factor-related genes and were consistent with the literature. ADMS is a reliable means for identifying genes useful for the diagnosis of cancer.

ンター
究センター

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もうすぐ丸14年。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かなり古いが、バイオイン
フォ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2
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～)
- バイオインフォマティクスとR
 - バイオインフォマティクス・スキル標準
 - Rの基本的な利用法

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。

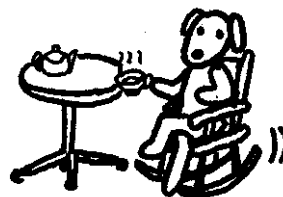
略歴

- 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)

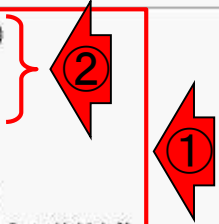
年度	H16	H17	H18	H19	H20	H21	H22	H23	H24	H25
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26
合計	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2
ポスドク数	>2	>2	>2	>2	>2	1	1	1	1	1
担当コマ数	3	?	?	8	8	5	5	11	13	14

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）

<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>	 <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>
	 <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>
<p>兼任教員 (運営・講義)</p>	<ul style="list-style-type: none"> ■ 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)



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
合計	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169
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
合計	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169
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

①H25以降は常勤教員2名体制でしたが、2018年8月より大森良弘先生が参画されています。

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
- 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	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	185	207	191	191
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



①

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）

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
兼任教員 (運営・講義)		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
		<ul style="list-style-type: none">■ 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)



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">■ 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)
兼任教員 (講義)	<ul style="list-style-type: none">■ 岩田洋佳 (東大・農 / 准教授)■ 勝間 進 (東大・農 / 准教授)
協力教員 (講義)	<ul style="list-style-type: none">■ 北田修一 (東京海洋大学 / 名誉教授)■ 麻生川 稔 (日本電気株式会社 / 主席技術主幹)■ 有田正規 (国立遺伝学研究所 / 教授)■ 大島研郎 (法政大学 / 教授)■ 井澤 毅 (東大・農・生産・環境生物学専攻 / 教授)■ 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)■ 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)■ 加藤洋一郎 (東大・農・附属生態調和農学機構 / 准教授)■ 増富祐司 (茨城大・農・地域環境科学科 / 准教授)■ 藤本 優 (東大・農・育種ゲノミクス社会連携講座 / 特任准教授)■ 郭 威 (東大・農・附属生態調和農学機構 / 特任助教)■ 中道礼一郎 (水産生命情報研究センター / 研究員)
事務職員	<ul style="list-style-type: none">■ 寺田朋子 (学術支援職員)■ 三浦 文 (学術支援職員)



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	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	185	207	191	191
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	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	185	207	191	191
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	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	185	207	191	191
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~)
- バイオインフォマティクスとR
 - バイオインフォマティクス・スキル標準
 - Rの基本的な利用法

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



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

+ サイトマップ + English



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。

ようこそ
アグリバイオ
教育研究




お知らせ

- ▶ 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

- + 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



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、それぞれの最です。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、本プログラム専任キます。



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

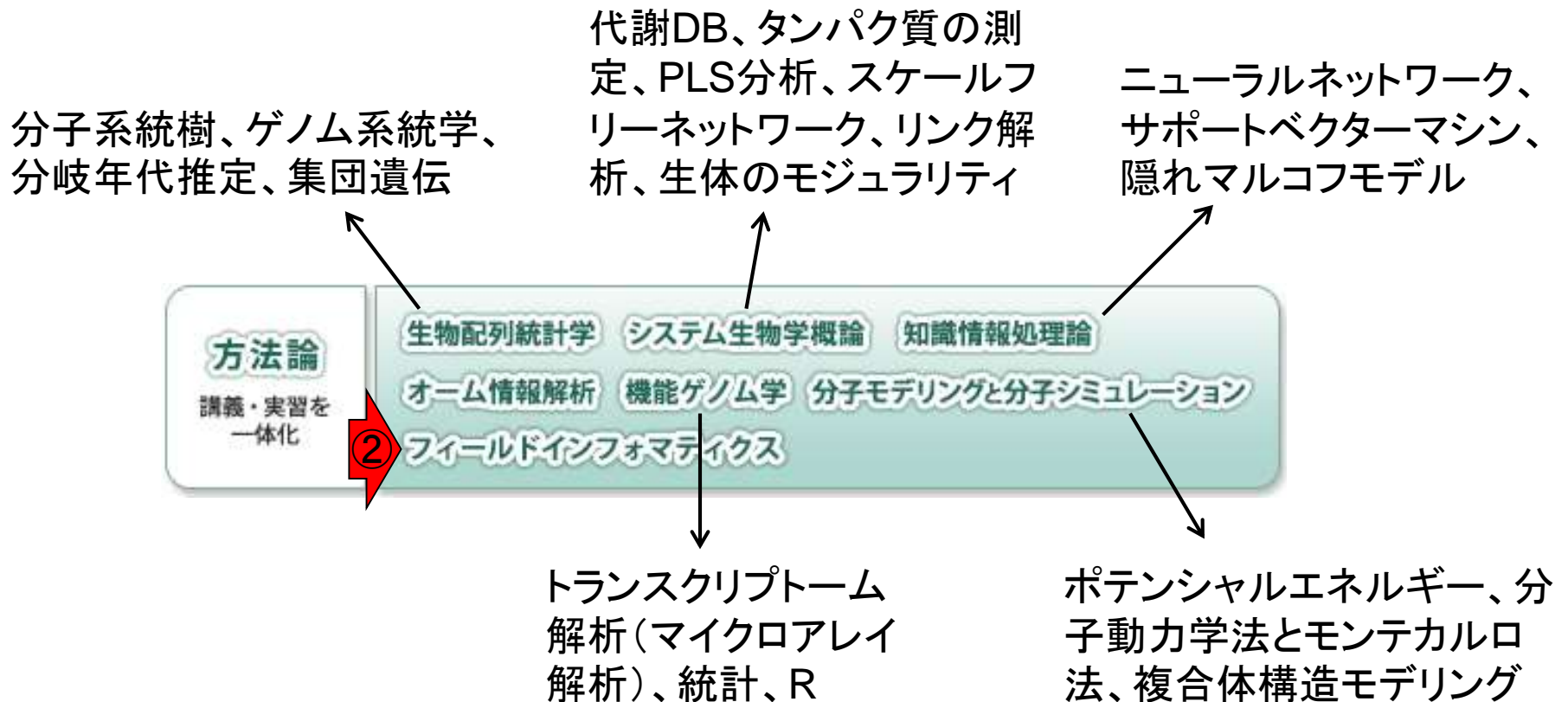
教育プログラム(方法論)

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。

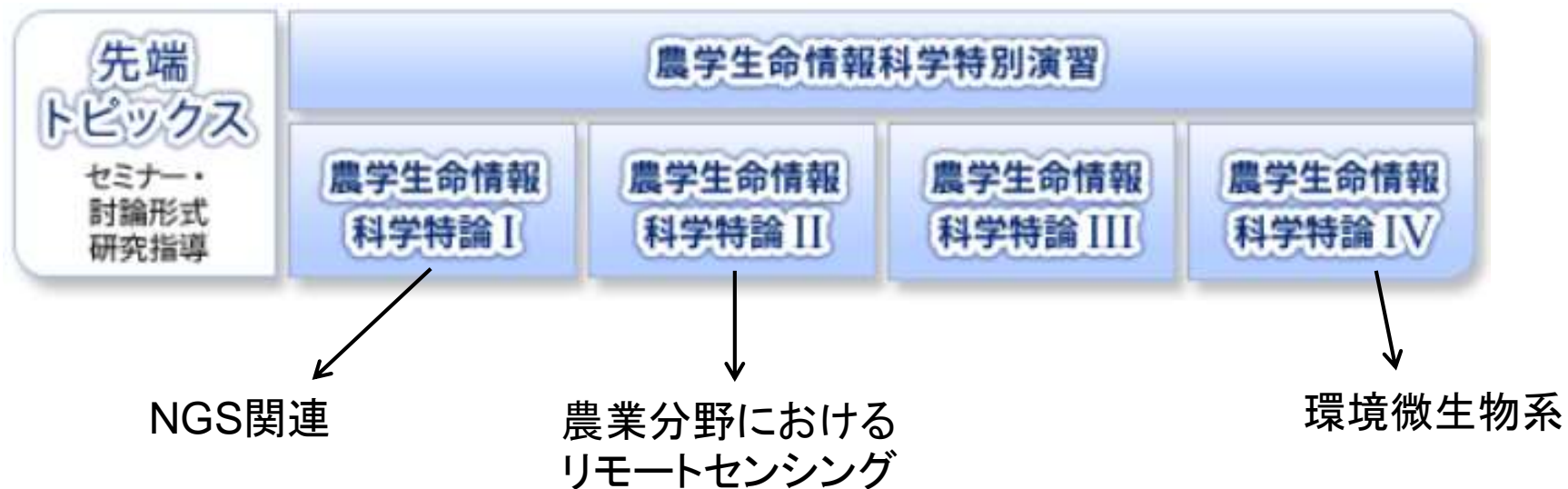


教育プログラム（先端トピ）

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

私の所属先である東大アグリバイオは、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
[Icons]
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～)
- バイオインフォマティクスとR
 - バイオインフォマティクス・スキル標準
 - Rの基本的な利用法

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?

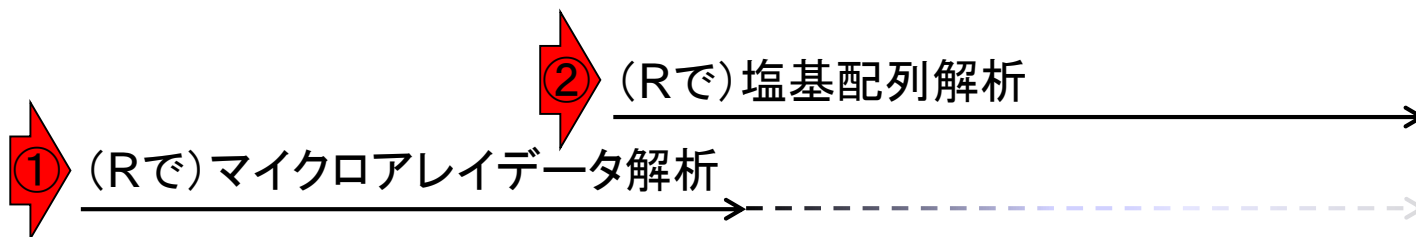
- 「[H29年度NGSハンズオン講習会](#)」の[報告書](#)が公開されました。(2018/05/17) **NEW**
- Silhouetteスコアの新たな使い道提唱論文([Zhao et al., Biol. Proc. Online, 2018](#))の使い方を「解析 | 一般 | [Silhouette scores\(シルエットスコア\)](#)」に示しました。(2018/03/01)
- Silhouetteスコアの新たな使い道提唱論文([Zhao et al., Biol. Proc. Online, 2018](#))がpublishされました。(2018/03/01)
- 「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 2018/04/02)
- [インストール | について](#) (last modified 2015/03/12)
- 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	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	185	207	191	191
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
合計	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	185	207	191	191
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 2014/05/1
- 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 | [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 | [2.2.2 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 | [3.2.2 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…

(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\(教GB?\)](#) (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)

Useful R

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

The screenshot shows a web browser window displaying the table of contents for the book 'Useful R'. The URL is http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r.html#book_transcri. The page title is '書籍 | トランスクリプトーム解析 | 1.1 はじめに'. A red arrow labeled '2' points to the page title. The table of contents is as follows:

- 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](#)

The table of contents continues with links to chapters 1.1 through 4.2.3. A red box labeled '1' highlights the '1.1 はじめに' link. A book cover for 'Useful R' is shown in the background.

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~)
- バイオインフォマティクスとR
 - バイオインフォマティクス・スキル標準
 - Rの基本的な利用法

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
[Icons]
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



```
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

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

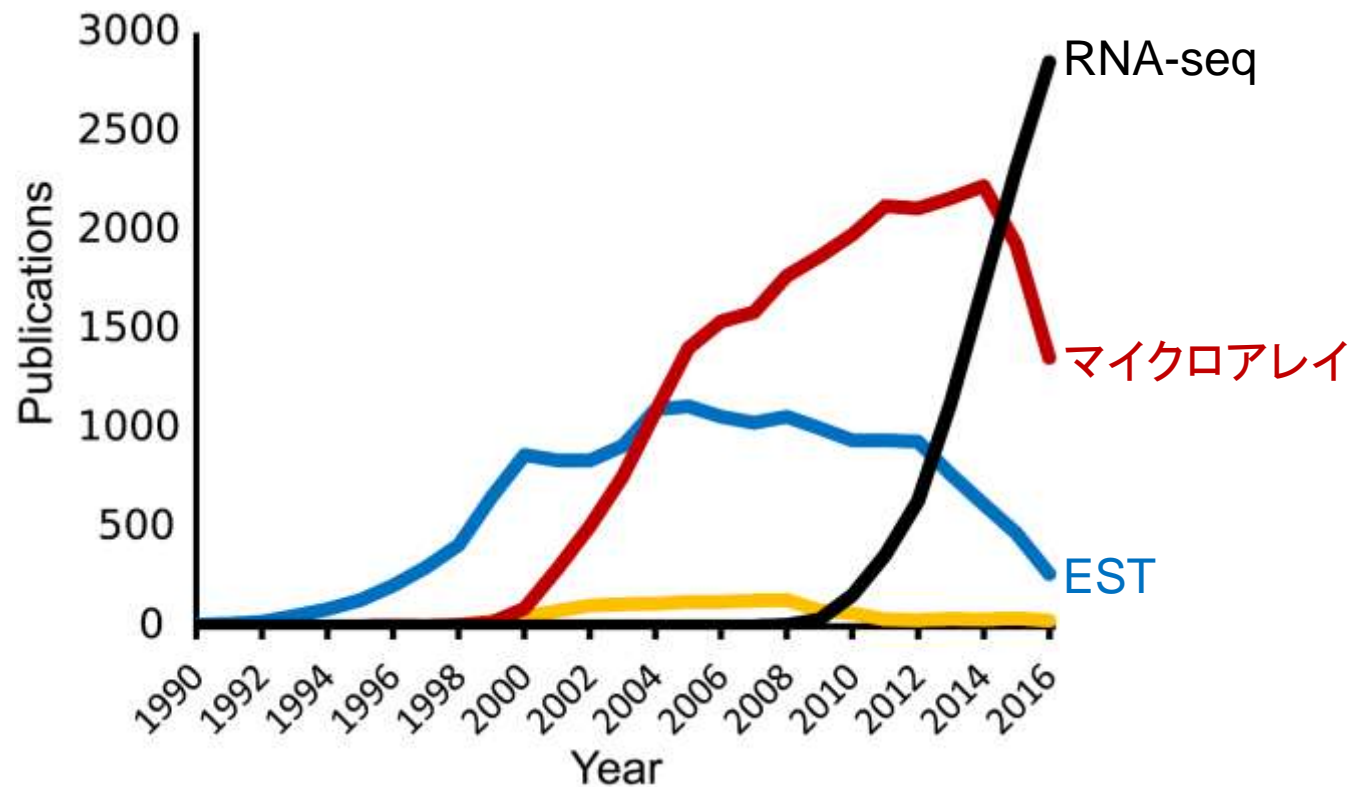


```
RGui (64-bit)
ファイル 編集 閲覧 その他 パッケージ ウィンドウ ヘルプ
R Console
> 1 + 1
[1] 2
> 100/5
[1] 20
> 8*7
[1] 56
> |
```

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

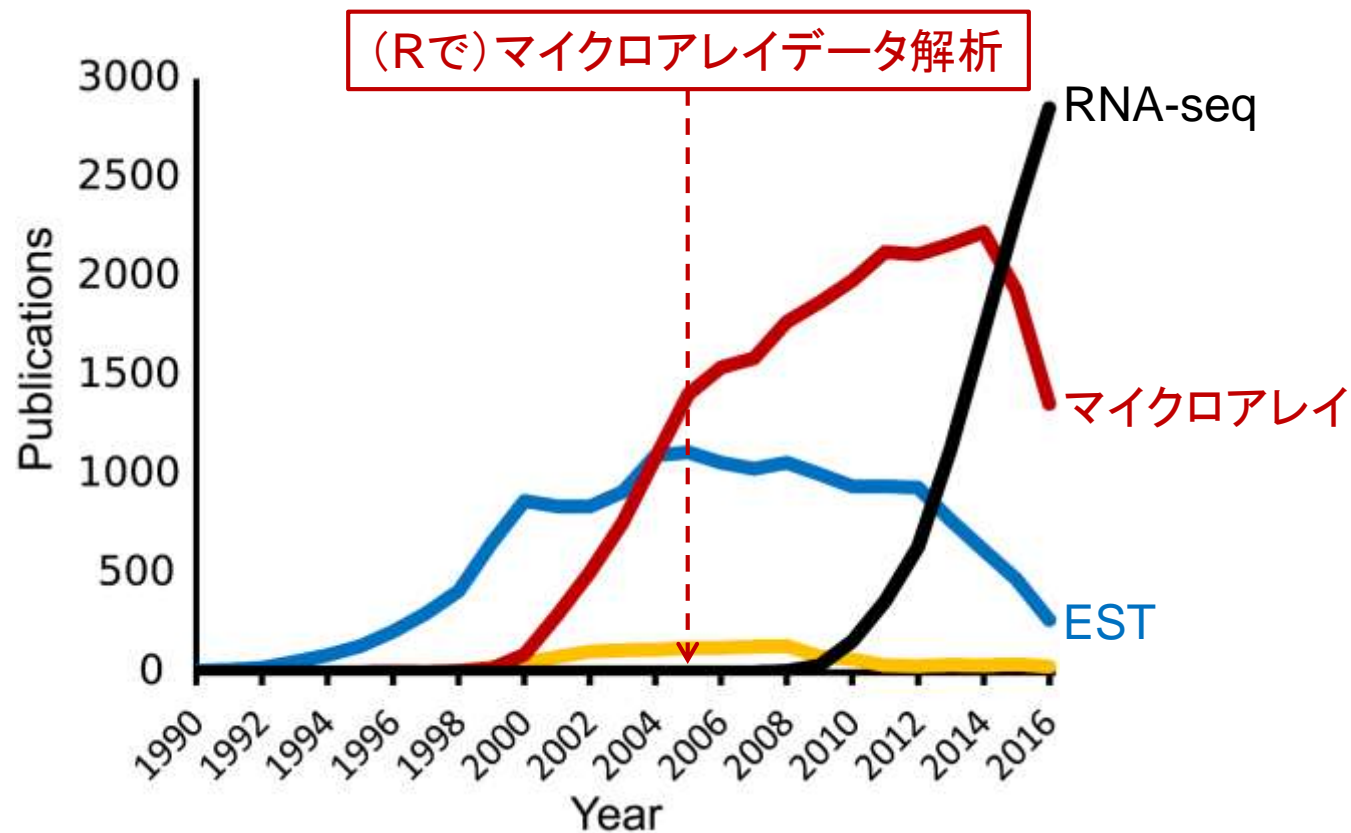
- マイクロアレイ
- SAGE
- EST
- RNA-seq(NGS)
- ...



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

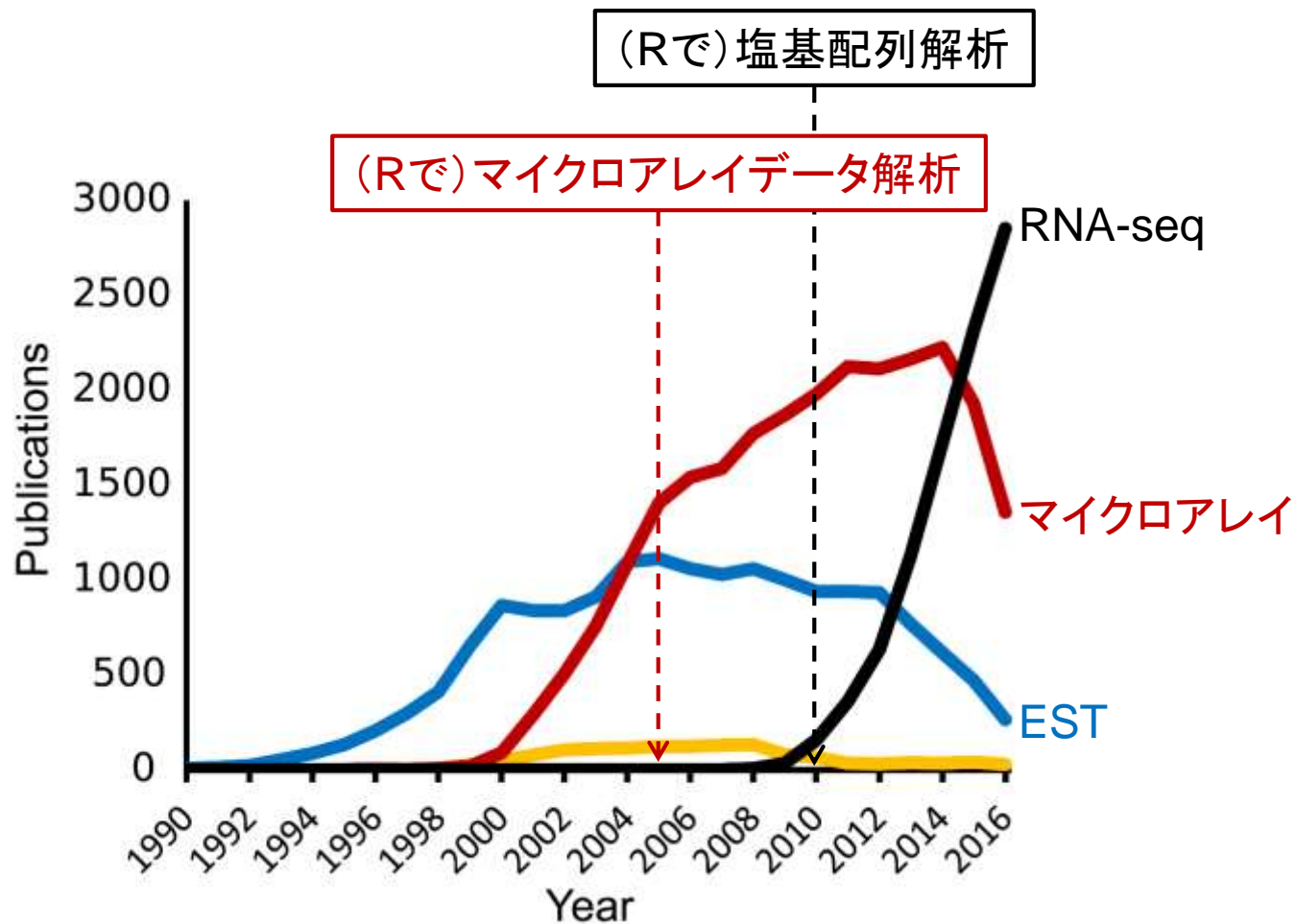
- マイクロアレイ
- SAGE
- EST
- RNA-seq(NGS)
- ...



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)
- ...

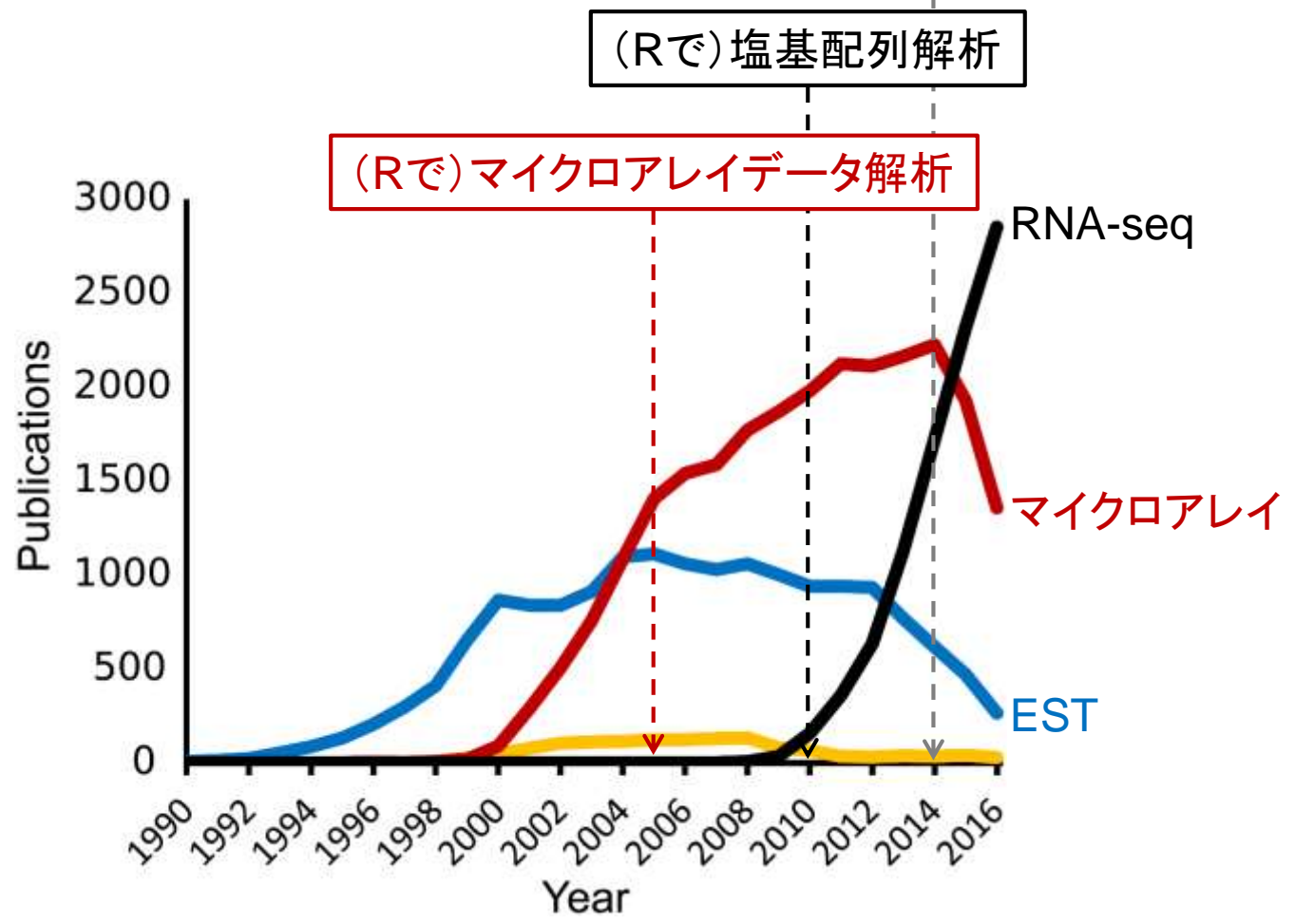


トランスクリプトーム解析手段ごとの原著論文数の推移。マイクロアレイからRNA-seqへ

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)
- ...

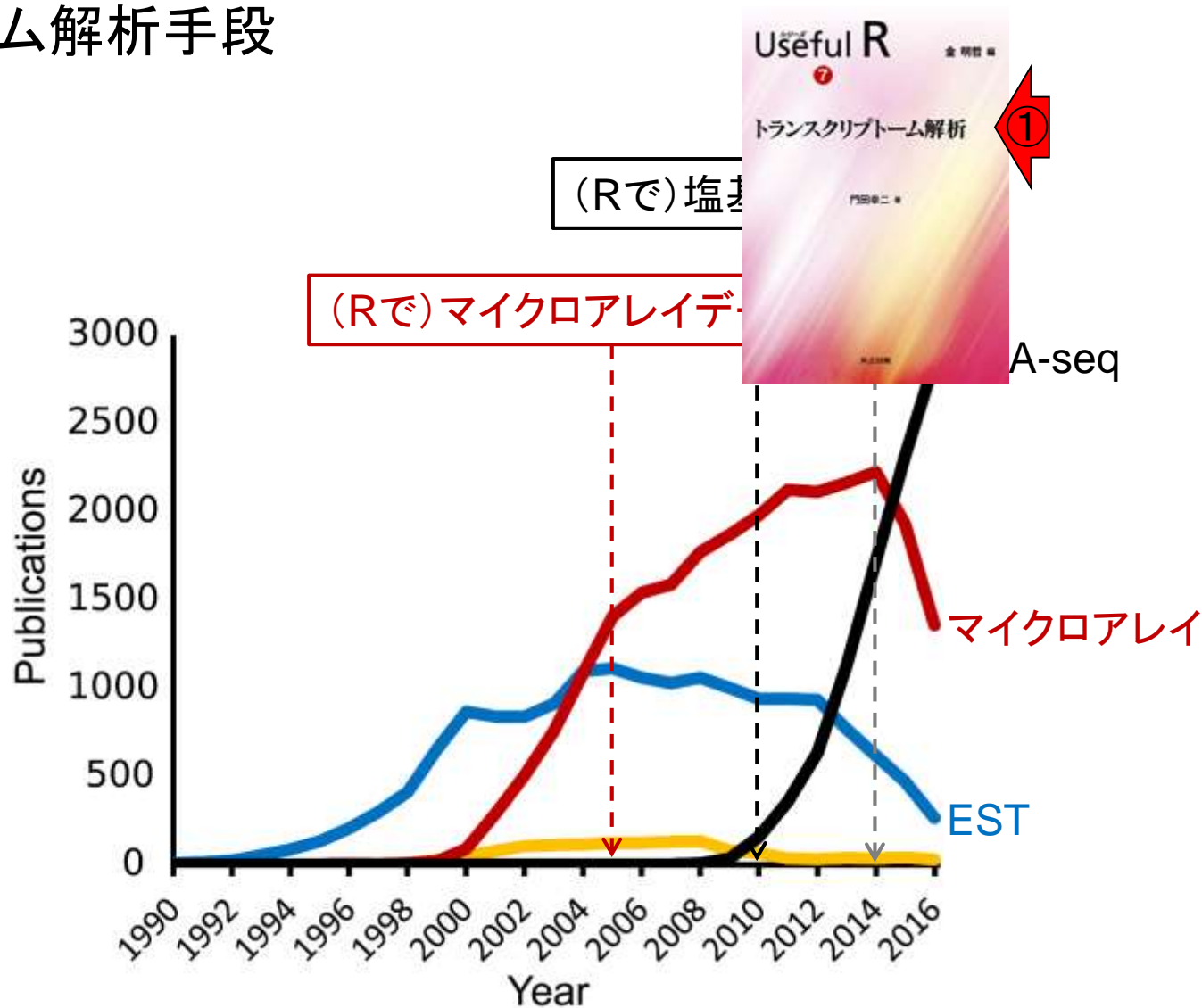


テクノロジーの発展

①の本は、数式を理解する感覚などの解説に重きをおいており、テクノロジーの栄枯盛衰に影響されないつくりになっている。しかし、2014年出版(執筆当時2013年)なのでかなり古い

■ 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)
- ...



①最近出版された、バイオインフォ全般の入門書。②私は5章と7章を担当

最近出た参考書



よくわかるバイオインフォマティクス入門

藤博幸・編



発行 : 2018/11/19 
サイズ : B5
ページ数 : 205
ISBN : 978-4-06-513821-2
本体 : 3000円(税別)
在庫 : 在庫あり

目次

- 1章 配列解析
- 2章 分子進化
- 3章 タンパク質の立体構造解析
- 4章 ncRNA解析
- 5章 NGSデータ概論 
- 6章 ゲノム解析
- 7章 トランスクリプトーム解析 
- 8章 エピゲノム解析
- 9章 メタゲノム解析
- 10章 プロテオーム解析
- 11章 データベース
- 12章 バイオのための機械学習概論

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~)
- バイオインフォマティクスとR
 - バイオインフォマティクス・スキル標準
 - Rの基本的な利用法

文科省の取り組み

①JST-NBDC(JSTの下部組織)のNBDCは、
バイオサイエンスデータベースセンターの略

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
ライフ

JST-NBDCのサイト

JST-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 JST-NBDC website interface. At the top, there is a navigation bar with the NBDC logo and the text "National Bioscience Database Center". Below this is a search bar and a language selector set to "English". A red arrow labeled "1" points to the "English" language selector. Below the navigation bar is a menu with items: 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. A red arrow labeled "2" points to the "人材支援" (Human Resource Support) menu item. Below the menu is a breadcrumb trail: Home > 人材支援 > 支援 > 講習会. The main content area features a large heading: "バイオインフォマティクス人材育成のための講習会" (Workshop for Bioinformatics Human Resource Development), with a red arrow labeled "2" pointing to it. Below this is an "お知らせ" (Notice) section dated May 2018, stating that NGS hands-on workshops are not being held. The "NGS解析" (NGS Analysis) section contains a paragraph about the need for bioinformatics talent and mentions the "NBDC運営委員会人材育成分科会" (NBDC Operating Committee Human Resource Development Subcommittee). 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)" (Bioinformatics Human Resource Development Curriculum (Next-Generation Sequencing)). Below this link are sub-links for "カリキュラムで習得できる技能" (Skills Acquired in the Curriculum) and "カリキュラム フロー図" (Curriculum Flowchart). At the bottom, there is a link for "H29年度NGSハンズオン講習会 (2017年8月28日～9月1日)".

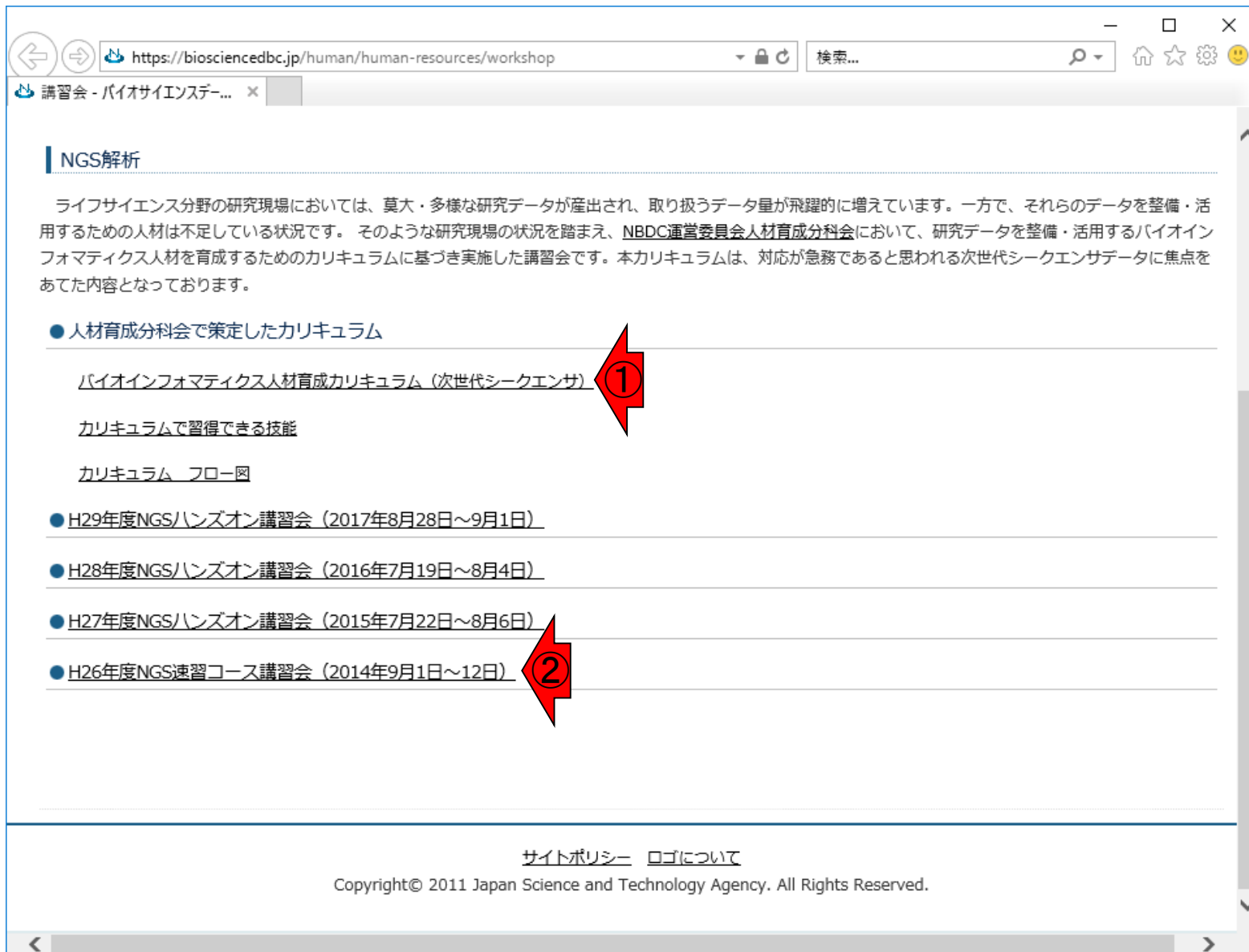
NGS用カリキュラム

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	講義	実習
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



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

①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...

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

①2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

①

サイトポリシー ログについて

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 [ロゴについて](#)

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 - バイオサイエンスデー...

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
 - バイオインフォー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**。

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	ゲノムアセンブリ後の各種解析、メタゲノム、Hi-C解析
●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



もうやしません

①H29年度(4年目)のNGSハンズオン講習会の報告書が2018年5月に公開されました。②5年目はありません。

The screenshot shows the NBDC website with a news article titled "【2017NGSハンズオン講習会】実施報告書を公開しました". The article is dated 2018年5月14日 (月) and reports on the workshop held from August 28 to September 1, 2017. It includes a link to the report: https://biosciencedbc.jp/gadget/human/h29_ngo_report.pdf. A red arrow with the number 1 points to this link. The article also states that the workshop will not be held again this year. A second red arrow with the number 2 points to the sentence "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。". The website header includes the NBDC logo, navigation menu, and search bar. The footer of the page contains the text "これまで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。" and a link to the workshop page: <https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop/>.

教材を有効利用

①H29年度(4年目)のNGSハンズオン講習会のページ。全ての年度分、②講義資料や講義動画が公開されています。

平成29年度NGSハンズオン講習会 - x +

← → ↻ 🏠 🔒 <https://sciencedbc.jp/human/human-resources/workshop/h29> ☆ 人 | ⓧ :

カリキュラム・講義資料・動画

- ・実施日時や内容は、やむを得ない事情等により変更する場合があります。
- ・当日の終了時刻は、講義の内容や進み具合により多少前後します。
- ・講義資料は、事前予習頂くために講習会までに公開いたします。
- ・講義動画は、講習会の全日程終了後、公開いたします。

実施日	実施時間	大項目	タイトル	内容(予定)	講師	講義資料	補足資料	講義動画
8月28日(月)	10:30-18:15	自習	予習内容および各種動作確認	<ul style="list-style-type: none"> ・Bio-Linux8の導入確認 ・共有フォルダ設定完了確認 ・基本的なLinuxコマンドの習得状況確認 ・講師指定の事前予習内容の再確認 ・講習会期間中に貸与されるノートPCを用いた各種動作確認 	-	-	-	-
8月29日(火)	10:30-18:15 (13-15時除く)	NGS解析 (初～中級)	ゲノムアセンブリ後の各種解析	日本乳酸菌学会誌の連載「次世代シーケンサーデータの解析手法」第7回(のウェブ資料W10)及び第8回の内容を中心に講習会用にアレンジして実施予定。	門田 幸二	講義資料 (PDF:14MB)	連載第7回 連載第8回 コード集 補足資料 (PDF:2.6MB)	動画 [統合TV]
8月30日(水)	10:30-18:15							動画 [統合TV]
8月29日(火)	13:00-15:00	事業紹介	NBDC・DBCLSの各種サービス	NBDC事業およびNBDCが共同研究機関とともに開発・提供するサービスを紹介します。 1 NBDC紹介～NGS関連サービスを中心に 2 今日から使える便利な生命科学系公共データベース in DBCLS 3 公共NGSデータの検索と登録	箕輪 真理 小野 浩雅 仲里 猛留	講義資料1 (PDF:4.5MB) 講義資料2 (PDF:2.8MB) 講義資料3 (PDF:8.5MB)	-	動画 [統合TV] 動画 [統合TV] 動画 [統合TV]
				illuminaのメタゲノム配列データから、				

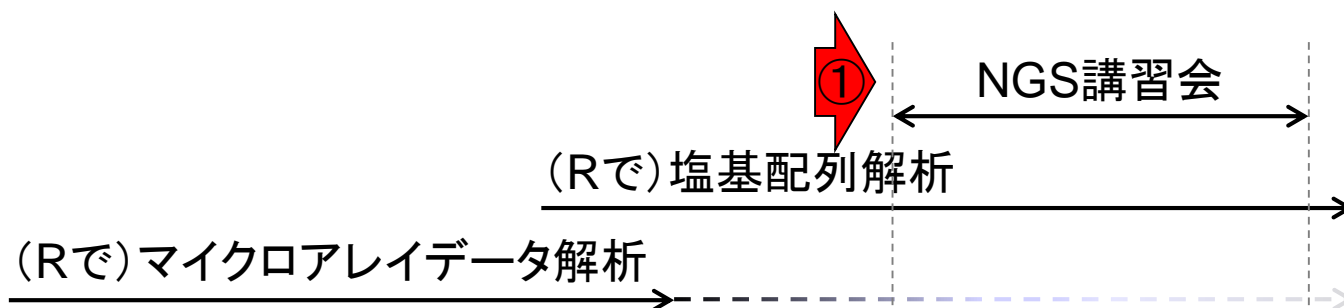


Contents

- 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～)
- バイオインフォマティクスとR
 - バイオインフォマティクス・スキル標準
 - Rの基本的な利用法

活動の歴史

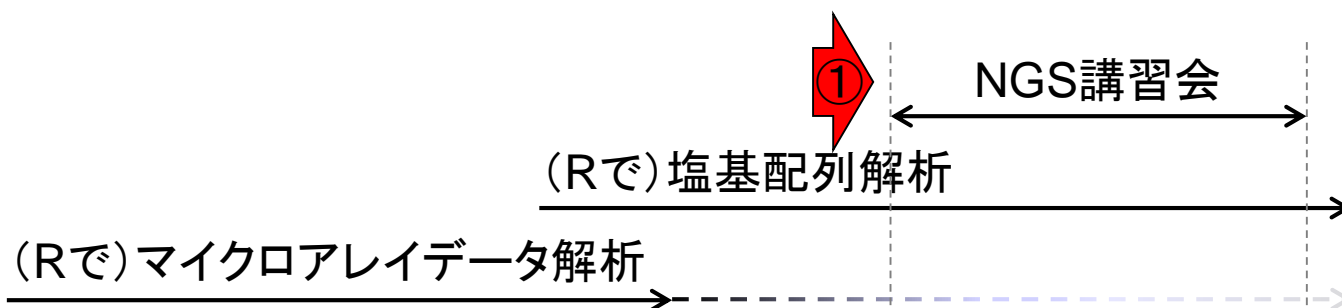
①大人数で行うNGSハンズオン講習会の枠組みでは実施が困難な事柄もあります。



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	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	185	207	191	191
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

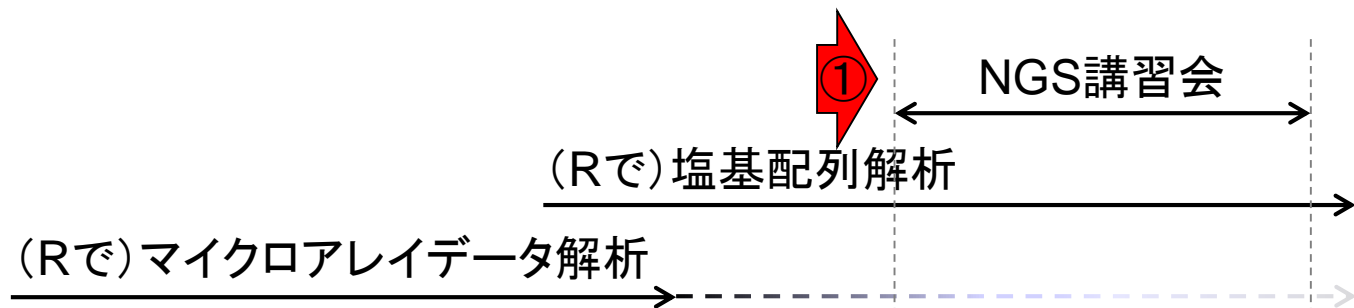
①大人数で行うNGSハンズオン講習会の枠組みでは実施が困難な事柄もあります。具体的には、時間がかかるNGS生データのダウンロードやその後の処理、



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	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	185	207	191	191
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

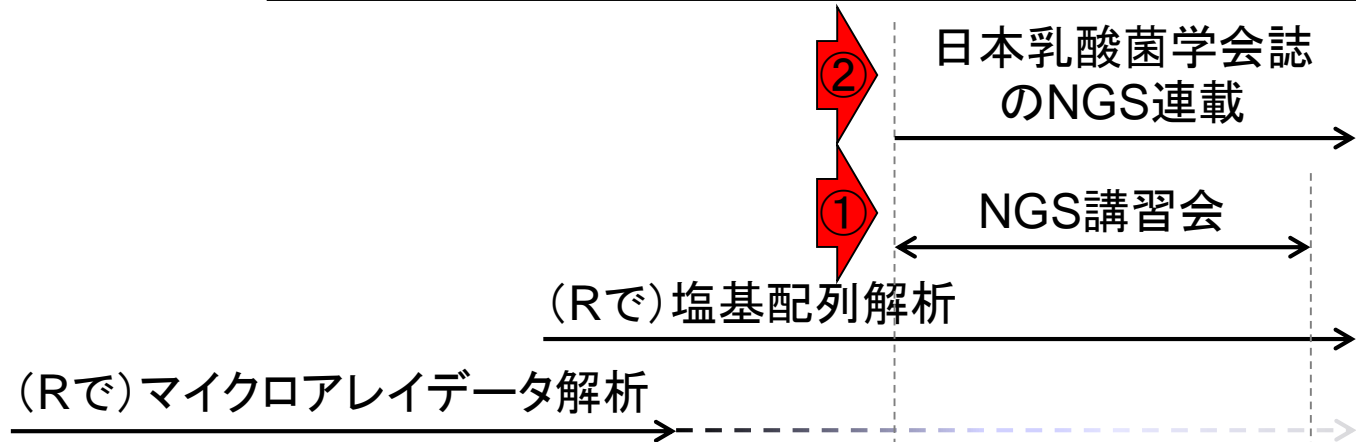
①大人数で行うNGSハンズオン講習会の枠組みでは実施が困難な事柄もあります。具体的には、時間がかかるNGS生データのダウンロードやその後の処理、時間が読めないウェブツールを用いたアセンブリの実行などが挙げられます。



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	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	185	207	191	191
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

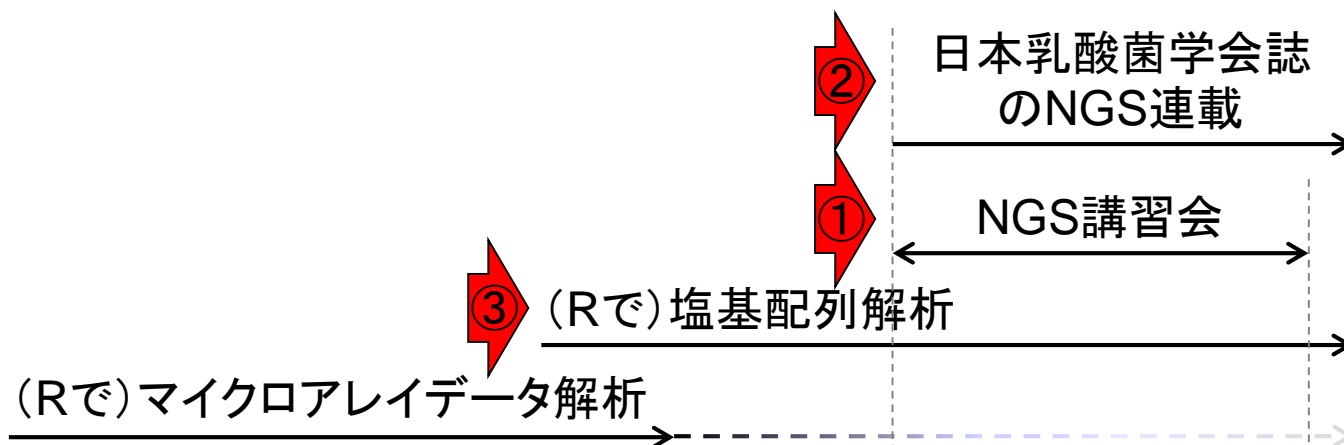
①大人数で行うNGSハンズオン講習会の枠組みでは実施が困難な事柄もあります。具体的には、時間がかかるNGS生データのダウンロードやその後の処理、時間が読めないウェブツールを用いたアセンブリの実行などが挙げられます。それらは、②日本乳酸菌学会誌のNGS連載の枠組みで情報提供しています。



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	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	185	207	191	191
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)塩基配列解析のサブページから得られます。



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
合計	20	75	92	100	75	80	130	140	169	169	185	207	191	191
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)塩基配列解析のサブ

(Rで)塩基配列解析の①サブページは、②「R 塩基配列」などでググってもよいですし...

The screenshot shows a Google search page for the query "R 塩基配列". The search bar contains the text "R 塩基配列" and is highlighted with a red arrow and the number "2". Below the search bar, the search results are displayed. The first result is titled "(Rで)塩基配列解析のサブ - アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット" and is highlighted with a red arrow and the number "1". The second result is titled "(Rで)塩基配列解析 - アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット" and is also highlighted with a red arrow and the number "1". The search results include the URL, a brief description, and the date of the last modification. The search results are as follows:

約 540,000 件 (0.34 秒)

(Rで)塩基配列解析 - アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット
www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html ▼
(Rで)塩基配列解析(last modified 2019/01/15, since 2010) ... キーワードを含む行を抽出(基礎) (last modified 2016/04/20); イントロ | 一般 | ランダムな塩基配列を生成 (last modified 2014/06/16); イントロ | 一般 | 任意の長さの可能な全ての塩基配列を作成 ...

① (Rで)塩基配列解析のサブ - アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット
www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq2.html
はじめに. (Rで)塩基配列解析は、2010年から公開されており、コンテンツも多くなりすぎました。私自身、ページ内検索をよく利用していましたが、それすら厳しくなってきました。そのため、2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部（講習会・書籍・学会誌など）を ...

[PDF]
Rで塩基配列解析 - 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 ...
www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/20160303_kadota.pdf ▼
2016/03/03 - Rで塩基配列解析：ゲノム解析からトランスクリプトーム解析まで。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プログラム、門田幸二（かどた こうじ） kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp <http://www.iu>.

Rで塩基配列を扱う方法 - SlideShare

(Rで)塩基配列解析

①本家(Rで)塩基配列解析の、②サブページからも迎えます。

(Rで)塩基配列解析

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2019/01/22, 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](#) (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27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](#) (Windows2018.12.23版とMacintosh2019.01.15版)で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けてサブページに移行しました。(2018/07/18)

②

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 2019年2月19日に「Rの講習会」を開催します。興味ある方はどうぞ。(2019/01/22) NEW
- 「[生命科学データベース・ウェブツール](#) (監修: 坊農秀雅・小野浩雅)」が出版されています。目次を一見すると既視感がありますが、実際に中身を見てみると「確かに手に取って読む価値がある」と判断できると思います。(2018/11/29)
- 「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」が出版されています。アラインメントの基本から深層学習までバイオインフォの幅広い内容が含まれています。(2018/11/21)
- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
- [インストール | について](#) (last modified 2018/11/15)
- [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2018/11/12)推奨
- [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2018/11/12)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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
- [インストール | Rパッケージ | ほぼ全て\(削除予定\)](#) (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](#) (last modified 2019/01/22)推奨 NEW

[トップページへ](#)

(Rで)塩基配列解析のサブ

(Rで)塩基配列解析のサブ
(last modified 2018/11/21, 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?

- 2018年11月に「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」という本が出ました。(2018/11/21)
- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。 volcano plotなど図の作成までやってくれる上に、それがどのようなスクリプトで書かれているかも理解できる仕様になっています。 バグレポートやリクエストなどをいただければ幸いですm(_ _)m(2018/10/15)

- [はじめに](#) (last modified 2018/07/18)
- 参考資料 | [書籍、学会誌](#) (last modified 2017/11/13)
- 参考資料 | [講習会](#) (last modified 2017/11/13)
- 参考資料 | [講義、講演資料](#) (last modified 2018/09/10)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/21)
- 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) | [NGSハンズオン講習会2017](#) (last modified 2017/08/08)
- 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) | [NGSハンズオン講習会2016](#) (last modified 2016/08/22)
- 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) | [NGSハンズオン講習会2015](#) (last modified 2016/08/19)
- 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) | [NGS速習コース2014](#) (last modified 2015/02/11)
- [書籍 | トランスクリプトーム解析 | について](#) (last modified 2014/05/12)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.3.1 RNA-seqデータ\(FASTQファイル\)](#) (last modified 2016/03/17)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.3.2 リファレンス配列](#) (last modified 2014/04/16)
- 書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.3.3 アノテーション情報](#) (last modified 2017/08/02)

[トップページへ](#)

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~)
- バイオインフォマティクスとR
 - バイオインフォマティクス・スキル標準
 - Rの基本的な利用法

バイオインフォ・スキル標準

The screenshot shows a web browser window with the URL <https://www.learning-innovation.go.jp/verify/detail/c0037>. The page header includes the Learning Innovation logo and the Ministry of Economy, Trade and Industry logo, with a red arrow labeled '1' pointing to the latter. The main heading is 「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. A red arrow labeled '2' points to this heading. Below the heading is a brown button labeled '大学・社会人'. The '目的' (Purpose) section states that the goal is to train data scientists who can apply big data and AI systems in the bio-related industry. The '概要' (Overview) section mentions that while such programs exist at universities like Keio and Tokyo, they are primarily for postgraduate students, making it difficult for social workers to attend. The current project aims to address practical industry needs. On the right side, there are three boxes: 'お問い合わせ先' (Contact) with the email info@learning-innovation.jp; 'サービス情報サイト' (Service Information Site) with the note '本実証事業には該当しないため記載無し'; and '事業者サイト' (Business Site).

バイオインフォ・スキ

① バイオ分野データサイエンス関連人材の育成は、実質的にバイオインフォマティクス人材育成です。横浜市立大学だけでなく、(経産省なので)企業側からの要望もあるようです。

The screenshot shows a web browser window with the URL <https://www.learning-innovation.go.jp/verify/detail/c0037>. The page header includes the Learning Innovation logo and the Ministry of Economy, Trade and Industry. The main heading is 「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, with a red arrow pointing to the word 「人材」. Below the heading is a brown button labeled 「大学・社会人」. The page content is divided into sections: 「目的」 (Purpose) and 「概要」 (Overview). The purpose section states that the goal is to cultivate data scientists who can address bio-related industry needs. The overview section mentions that while some programs exist at universities like Keio and Tokyo, they are primarily for postgraduate students and have high barriers for social workers. A sidebar on the right contains contact information: 「お問い合わせ先」 (info@learning-innovation.jp), 「サービス情報サイト」 (Service Information Site), and 「事業者サイト」 (Business Site).

企業ニーズ

企業のニーズは①に集約されますが、おそらく横浜市立大学の要望もほぼ同じ

バイオインフォマティクス講習会

～「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス関連人材」のスキル標準の策定
及びそれらの育成プログラムの開発/実証～

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)

2019年1月22日

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データサイエンティストの人材育成が求められており、より実践的な企業ニーズ①踏まえた「バイオインフォマティクス・スキル標準」の作成も行われています。本講習会では、企業ニーズが高い「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 に特化した集中講座を開催します。

日時:2019年2月19日(火) 13:00-17:30 (受付 12:30-)

会場:東京大学 農学部2号館1階 第3講義室(東京都文京区弥生1-1-1)

参加費:無料

受講対象:企業に所属する社会人を主な対象としますが、教員・ポスドク・学生らの参加も認めます。

「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス」

https://www.le



ホーム > 実証事業 > 「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス」

「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス」講座の開発

大学・社会人

目的

近年バイオ分野においても格段に重要視されている。扱うことができるバイオ関連産業ニーズを踏まえた「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス」講座の開発。

概要

東京医科歯科大学や東京大学では、製薬産業を目的とした教育プログラムがある。社会人が受講するにはハードルが高い。本事業では、ビッグデータやAIの医療応用といったより実践的な企業ニーズを踏まえた「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス」講座の開発。

企業ニーズ

「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス」

← → ↻ 🏠 🔒 https://www.le

未来の教室 LEARNING INNOVATION 経済産業省 Ministry of Economy, Trade and Industry

ホーム > 実証事業 > 「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス」

「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス」講座の開発

大学・社会人

目的

近年バイオ分野においても格段に重要視されているデータサイエンス関連産業ニーズを踏まえた「バイオインフォマティクス・スキル標準」の作成も行われています。本講習会では、企業ニーズが高い「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 に特化した集中講座を開催します。

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データサイエンティストの人材育成が求められており、より実践的な企業ニーズ①踏まえた「バイオインフォマティクス・スキル標準」の作成も行われています。本講習会では、企業ニーズが高い「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 に特化した集中講座を開催します。

日時:2019年2月19日(火) 13:00-17:30 (受付 12:30-)

会場:東京大学 農学部2号館1階 第3講義室(東京都文京区弥生1-1-1)

参加費:無料

受講対象:企業に所属する社会人を主な対象としますが、教員・ポスドク・学生らの参加も認めます。

本事業では、ビッグデータやAIの医療応用といったより実践的な企業ニーズを踏まえた「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス」

企業ニーズ

①のニーズを手っ取り早く満たせるのは、
②Rです。

「産業界横断的なバイオ分野データ」
https://www.le
未来の教室 LEARNING INNOVATION 経済産業省 Ministry of Economy, Trade and Industry
ホーム > 実証事業 > 「産業界横断的なバイオ分野データ」
「産業界横断的なバイオ分野データ」講座の開発
大学・社会人
目的
近年バイオ分野においても格段に重要視されることができるようになる。
概要
東京医科歯科大学や東京大学では、製薬を目的とした教育プログラムがあり、社会人が受講するにはハードルが高いため、本事業では、ビックデータやAIの医療応用といったより実践的な企業ニーズを踏まえた「産業界横断的なバイオ分野データ」講座を開催します。
日時:2019年2月19日(火) 13:00-17:00(受付 12:30-)
会場:東京大学 農学部2号館1階 第3講義室(東京都文京区弥生1-1-1)
参加費:無料
受講対象:企業に所属する社会人を主な対象としますが、教員・ポスドク・学生らの参加も認めます。
バイオインフォマティクス講習会
～「産業界横断的なバイオ分野データ」実証事業関連人材のスキル標準の策定
～「産業界横断的なバイオ分野データ」実証事業の発展/実証～
東京大学大学院農学生命科学研究科・アクセルバイオインフォマティクス教育研究ユニット
バイオインフォマティクス教育研究ユニット
産業情報化コンソーシアム(JBIC)
2019年1月22日
この分野においても、様々な課題が増え、AIシステムなどを実践的に扱うことが求められる。実践的な企業ニーズを踏まえた「バイオインフォマティクス教育研究ユニット」の作成。企業ニーズが高い「統計と簡単なプログラミングの知識」を身につけて、データ解析環境 R に特化した集中講座を開催します。
① 踏まえた「バイオインフォマティクス教育研究ユニット」の作成。企業ニーズが高い「統計と簡単なプログラミングの知識」を身につけて、データ解析環境 R に特化した集中講座を開催します。
② R

Rの講習会

② バイオインフォマティクス講習会
～「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス関連人材」のスキル標準の策定
及びそれらの育成プログラムの開発/実証～

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)
2019年1月22日

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データサイエンティストの人材育成が求められており、より実践的な企業ニーズを踏まえた「バイオインフォマティクス・スキル標準」の作成も行われています。本講習会では、企業ニーズが高い「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 に特化した集中講座を開催します。

日時:2019年2月19日(火) 13:00-17:30 (受付 12:30-)
会場:東京大学 農学部2号館1階 第3講義室(東京都文京区弥生1-1-1)
参加費:無料
受講対象:企業に所属する社会人を主な対象としますが、教員・ポスドク・学生らの参加も認めます。

Rの講習会

日時:2019年2月19日(火) 13:00-17:30 (受付 12:30-)

会場:東京大学 農学部2号館1階 第3講義室(東京都文京区弥生1-1-1)

参加費:無料

受講対象:企業に所属する社会人を主な対象としますが、教員・ポストク・学生らの参加も認めます。

定員:100名

受講申込:下記事項を明記の上、事務局宛てにメールしてください。

宛先:koshukai@iu.a.u-tokyo.ac.jp

件名:講習会受講申し込み

本文:以下の情報を記載してください。全て必須です。

1. 氏名(漢字)
2. 氏名(カナ)
3. 所属機関(企業名・大学名・研究所名などを記載してください)
4. 職位(研究員・技術系職員・教員・ポストク・学生など)
5. ノートPC貸与希望の有無

申込期限:2月15日(金)12:00まで

①

Rの講習会

予習事項:PC 持込の有無に関わらず、下記 URL を参考にして Rの基本的な利用法を習得しておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#users_guide

また、持込 PC の方は下記 URL に従って必要なパッケージ群のインストールを済ませておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install

その他:

1. ノート PC を用いた実習形式の講習会です。ご自身の PC を持ち込みたい場合は、下記 URL を参考にして R 本体とパッケージ群のインストールが完了している状態にしておいてください。
http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install
2. 持込 PC に不具合が生じた場合は、ノート PC 貸与希望の有無に関わらず、事務局所有の貸与 PC で実習を続行可能ですのでご安心ください。
3. 受講希望者数次第では 13:00 からの講習会開始当初の混乱が予想されます。なるべく **11:00-12:00** の自習時間を有効活用して、スムーズに講習会に臨めるように心がけてください。
4. 講義資料の公開予定はありません。
5. 事後に簡単なアンケートにお答えください。本講習会は、『経済産業省が推進する「未来の教室」実証事業』:「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス関連人材」のスキル標準の策定及びそれらの育成プログラムの開発/実証の一環として行われます。アンケート結果は、個人が特定できないようにして公表することがあります。

①最初のステップは、Rのインストールです。
正確にはR本体とパッケージ群のインストールです。

自習環境構築

予習事項: PC 持込の有無に関わらず、下記 URL を参考にして R の基本的な利用法を習得しておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#users_guide

① また、持込 PC の方は下記 URL に従って必要なパッケージ群のインストールを済ませておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install

その他:

① 1. ノート PC を用いた実習形式の講習会です。ご自身の PC を持ち込みたい場合は、下記 URL を参考にして R 本体とパッケージ群のインストールが完了している状態にしておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install

2. 持込 PC に不具合が生じた場合は、ノート PC 貸与希望の有無に関わらず、事務局所有の貸与 PC で実習を続行可能ですのでご安心ください。
3. 受講希望者数次第では 13:00 からの講習会開始当初の混乱が予想されます。なるべく 11:00-12:00 の自習時間を有効活用して、スムーズに講習会に臨めるように心がけてください。
4. 講義資料の公開予定はありません。
5. 事後に簡単なアンケートにお答えください。本講習会は、『経済産業省が推進する「未来の教室」実証事業』:「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス関連人材」のスキル標準の策定及びそれらの育成プログラムの開発/実証の一環として行われます。アンケート結果は、個人が特定できないようにして公表することがあります。

自習環境構築

- ①最初のステップは、Rのインストールです。正確にはR本体とパッケージ群のインストールです。
- ②のリンク先は…

予習事項:PC 持込の有無に関わらず、下記 URL を参考にして Rの基本的な利用法を習得しておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#users_guide

① また、持込 PC の方は下記 URL に従って必要なパッケージ群のインストールを済ませておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install ②

その他:

① 1. ノート PC を用いた実習形式の講習会です。ご自身の PC を持ち込みたい場合は、下記 URL を参考にして R 本体とパッケージ群のインストールが完了している状態にしておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install ②

2. 持込 PC に不具合が生じた場合は、ノート PC 貸与希望の有無に関わらず、事務局所有の貸与 PC で実習を続行可能ですのでご安心ください。

3. 受講希望者数次第では 13:00 からの講習会開始当初の混乱が予想されます。なるべく 11:00-12:00 の自習時間を有効活用して、スムーズに講習会に臨めるように心がけてください。

4. 講義資料の公開予定はありません。

5. 事後に簡単なアンケートにお答えください。本講習会は、『経済産業省が推進する「未来の教室」実証事業』:「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス関連人材」のスキル標準の策定及びそれらの育成プログラムの開発/実証の一環として行われます。アンケート結果は、個人が特定できないようにして公表することがあります。

(Rで)塩基配列解析

①(Rで)塩基配列解析の、②「インストール | について」のリンク先と同じです。

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2019/01/22, 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](#)の手順 (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27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](#) (Windows2018.12.23版とMacintosh2019.01.15版)で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 2019年2月19日に「Rの講習会」を開催します。興味ある方はどうぞ。(2019/01/22) NEW
- 「[生命科学データベース・ウェブツール](#) (監修: 坊農秀雅・小野浩雅)」が出版されています。目次を一見すると既視感がありますが、実際に中身を見てみると「確かに手に取って読む価値がある」と判断できると思います。(2018/11/29)
- 「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」が出版されています。アラインメントの基本から深層学習までバイオインフォの幅広い内容が含まれています。(2018/11/21)
- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
- [インストール | について](#) (last modified 2018/11/15)
- [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2018/11/12)推奨
- [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2018/11/12)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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
- [インストール | Rパッケージ | ほぼ全て\(削除予定\)](#) (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](#) (last modified 2019/01/22)推奨 NEW

[トップページへ](#)

(Rで)塩基配列解析

①(Rで)塩基配列解析の、②「インストール | について」のリンク先と同じです。③がリンク先です。

(Rで)塩基配列解析 ①

(last modified 2019/01/22, 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](#) ② 手順 (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27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](#) (Windows2018.12.23版とMacintosh2019.01.15版)で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 2019年2月19日に「Rの講習会」を開催します。興味ある方はどうぞ。(2019/01/22)
- 「[生命科学データベース・ウェブツール](#) (監修: 坊農秀雅・小野浩雅)」が出版されていますが、実際に中身を見てみると「確かに手に取って読む価値がある」と判断できると思います。
- 「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」が出版されています。アライメントの幅広い内容が含まれています。(2018/11/21)
- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
- [インストール | について](#) ② (last modified 2018/11/15)
- [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2018/11/12) 推奨
- [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2018/11/12) 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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
- [インストール | Rパッケージ | ほぼ全て \(削除予定\)](#) (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](#) (last modified 2019/01/22) 推奨 NEW

インストール | について NEW ③

以下は、「インストール | R本体 | 最新版」と「インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ」の推奨インストール手順をまとめたものです。私の環境は、Windows PCは(Windows 10; 64 bit)、Macintosh PCはMacBook Pro (MacOS Mojave ver. 10.14.1; 64 bit)です。

- [Windows版](#)(R_install_win_20181115.pdf; 2018.11.15版)
- [Macintosh版](#)(R_install_mac_20181127.pdf; 2018.11.27版)

遭遇するかもしれないエラーとその対処法を以下に示しました。とりあえずWindows版のみの提供ですが、Macintoshでも同じようなことが起こるのかもしれないかもしれません。(2015.11.12追加)

- [Windows版](#)(R_install_troubleshoot.pdf; 2015.11.12版)

[トップページへ](#)

手順通りにインストール

手持ちPCのOSに応じて、①または②を参考にして、手順通りにインストールしてください。

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2019/01/22, 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](#) (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27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](#) (Windows2018.12.23版と Macintosh2019.01.15版)で自習してください。2018年7月に[\(Rで\)塩基配列解析の一部](#) (講習会・書籍・学会誌など) を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 2019年2月19日に「Rの講習会」を開催します。興味ある方はどうぞ。(2019/01/22)
- 「[生命科学データベース・ウェブツール](#) (監修: 坊農秀雅・小野浩雅)」が出版されていますが、実際に中身を見てみると「確かに手に取って読む価値がある」と判断できると思います。
- 「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」が出版されています。アライメントの幅広い内容が含まれています。(2018/11/21)
- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
- [インストール | について](#) (last modified 2018/11/15)
- [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2018/11/12) 推奨
- [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2018/11/12) 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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
- [インストール | Rパッケージ | ほぼ全て \(削除予定\)](#) (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](#) (last modified 2019/01/22) 推奨 NEW

インストール | について NEW

以下は、「インストール | R本体 | 最新版」と「インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ」の推奨インストール手順をまとめたものです。私の環境は、Windows PCは(Windows 10; 64 bit)、Macintosh PCはMacBook Pro (MacOS Mojave ver. 10.14.1; 64 bit)です。

- [Windows版](#) (R_install_win_20181115.pdf; 2018.11.15版)
- [Macintosh版](#) (R_install_mac_20181127.pdf; 2018.11.27版)

遭遇するかもしれないエラーとその対処法を以下に示しました。とりあえずWindows版のみの提供ですが、Macintoshでも同じようなことが起こるのかもしれないかもしれません。(2015.11.12追加)

- [Windows版](#) (R_install_troubleshoot.pdf; 2015.11.12版)

[トップページへ](#)

手順通りにインストール

手持ちPCのOSに応じて、①または②を参考にして、手順通りにインストールしてください。ちなみに、①は③と同じ、

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2019/01/22, 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](#) ([Windows2018.11.15版](#)と[Macintosh2018.11.27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](#) ([Windows2018.12.23版](#)と [Macintosh2019.01.15版](#))で自習してください。2018年7月に[\(Rで\)塩基配列解析の一部](#) (講習会・書籍・学会誌など) を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 2019年2月19日に「Rの講習会」を開催します。興味ある方はどうぞ。(2019/01/22)
- 「[生命科学データベース・ウェブツール](#) (監修: 坊農秀雅・小野浩雅)」が出版されていますが、実際に中身を見てみると「確かに手に取って読む価値がある」と判断できると思います。
- 「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」が出版されています。アライメントインフォの幅広い内容が含まれています。(2018/11/21)
- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
- [インストール | について](#) (last modified 2018/11/15)
- [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2018/11/12) 推奨
- [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2018/11/12) 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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
- [インストール | Rパッケージ | ほぼ全て \(削除予定\)](#) (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](#) (last modified 2019/01/22) 推奨 NEW

インストール | について NEW

以下は、「インストール | R本体 | 最新版」と「インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ」の推奨インストール手順をまとめたものです。私の環境は、Windows PCは(Windows 10; 64 bit)、Macintosh PCはMacBook Pro (MacOS Mojave ver. 10.14.1; 64 bit)です。

- [Windows版](#) (R_install_win_20181115.pdf; 2018.11.15版)
- [Macintosh版](#) (R_install_mac_20181127.pdf; 2018.11.27版)

遭遇するかもしれないエラーとその対処法を以下に示しました。とりあえずWindows版のみの提供ですが、Macintoshでも同じようなことが起こるのかもしれないかもしれません。(2015.11.12追加)

- [Windows版](#) (R_install_troubleshoot.pdf; 2015.11.12版)

[トップページへ](#)

手順通りにインストール

手持ちPCのOSに応じて、①または②を参考にして、手順通りにインストールしてください。ちなみに、①は③と同じ、②は④と同じです。

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2019/01/22, 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 (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27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](#) (Windows2018.12.23版と Macintosh2019.01.15版)で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部 (講習会・書籍・学会誌など) を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 2019年2月19日に「Rの講習会」を開催します。興味ある方はどうぞ。(2019/01/22)
- 「[生命科学データベース・ウェブツール](#) (監修: 坊農秀雅・小野浩雅)」が出版されていますが、実際に中身を見てみると「確かに手に取って読む価値がある」と判断できると思います。
- 「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」が出版されています。アライメントの幅広い内容が含まれています。(2018/11/21)
- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
- [インストール | について](#) (last modified 2018/11/15)
- インストール | R本体 | 最新版 | [Win用](#) (last modified 2018/11/12)推奨
- インストール | R本体 | 最新版 | [Mac用](#) (last modified 2018/11/12)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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
- インストール | Rパッケージ | [ほぼ全て](#) (削除予定) (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](#) (last modified 2019/01/22)推奨 **NEW**

インストール | について **NEW**

以下は、「インストール | R本体 | 最新版」と「インストール | Rパッケージ | 必要最小限プラスアルファ」の推奨インストール手順をまとめたものです。私の環境は、Windows PCは(Windows 10; 64 bit)、Macintosh PCはMacBook Pro (MacOS Mojave ver. 10.14.1; 64 bit)です。

- [Windows版](#) (R_install_win_20181115.pdf; 2018.11.15版)
- [Macintosh版](#) (R_install_mac_20181127.pdf; 2018.11.27版)

遭遇するかもしれないエラーとその対処法を以下に示しました。とりあえずWindows版のみの提供ですが、Macintoshでも同じようなことが起こるのかもしれないかもしれません。(2015.11.12追加)

- [Windows版](#) (R_install_troubleshoot.pdf; 2015.11.12版)

[トップページへ](#)

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～)
- バイオインフォマティクスとR
 - バイオインフォマティクス・スキル標準
 - Rの基本的な利用法

Rの講習会

予習事項: PC 持込の有無に関わらず、下記 URL を参考にして R の基本的な利用法を習得しておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#users_guide

また、持込 PC の方は下記 URL に従って必要なパッケージ群のインストールを済ませておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install

その他:

1. ノート PC を用いた実習形式の講習会です。ご自身の PC を持ち込みたい場合は、下記 URL を参考にして R 本体とパッケージ群のインストールが完了している状態にしておいてください。
http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install
2. 持込 PC に不具合が生じた場合は、ノート PC 貸与希望の有無に関わらず、事務局所有の貸与 PC で実習を続行可能ですのでご安心ください。
3. 受講希望者数次第では 13:00 からの講習会開始当初の混乱が予想されます。なるべく **11:00-12:00** の自習時間を有効活用して、スムーズに講習会に臨めるように心がけてください。
4. 講義資料の公開予定はありません。
5. 事後に簡単なアンケートにお答えください。本講習会は、『経済産業省が推進する「未来の教室」実証事業』:「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス関連人材」のスキル標準の策定及びそれらの育成プログラムの開発/実証の一環として行われます。アンケート結果は、個人が特定できないようにして公表することがあります。

Rの基本的な利用法

Rの講習会案内文を再掲。Rのインストール完了後は、①Rの基本的な利用法の習得。このリンク先は…

予習事項:PC 持込の有無に関わらず、下記 URL を参考にして Rの基本的な利用法を習得しておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#users_guide

また、持込 PC の方は下記 URL に従って必要なパッケージ群のインストールを済ませておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install

その他:

1. ノート PC を用いた実習形式の講習会です。ご自身の PC を持ち込みたい場合は、下記 URL を参考にして R 本体とパッケージ群のインストールが完了している状態にしておいてください。
http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install
2. 持込 PC に不具合が生じた場合は、ノート PC 貸与希望の有無に関わらず、事務局所有の貸与 PC で実習を続行可能ですのでご安心ください。
3. 受講希望者数次第では 13:00 からの講習会開始当初の混乱が予想されます。なるべく 11:00-12:00 の自習時間を有効活用して、スムーズに講習会に臨めるように心がけてください。
4. 講義資料の公開予定はありません。
5. 事後に簡単なアンケートにお答えください。本講習会は、『経済産業省が推進する「未来の教室」実証事業』:「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス関連人材」のスキル標準の策定及びそれらの育成プログラムの開発/実証の一環として行われます。アンケート結果は、個人が特定できないようにして公表することがあります。

(Rで)塩基配列解析

①(Rで)塩基配列解析の、②「基本的な利用法」のリンク先や、

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2019/01/22, 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](#) (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27版)にてフリーソフト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](#) (Windows2018.12.23版とMacintosh2019.01.15版)で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 2019年2月19日に「Rの講習会」を開催します。興味ある方はどうぞ。(2019/01/22) **NEW**
- 「[生命科学データベース・ウェブツール](#) (監修: 坊農秀雅・小野浩雅)」が出版されています。目次を一見すると既視感がありますが、実際に中身を見てみると「確かに手に取って読む価値がある」と判断できると思います。(2018/11/29)
- 「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」が出版されています。アラインメントの基本から深層学習までバイオインフォの幅広い内容が含まれています。(2018/11/21)
- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
- [インストール | について](#) (last modified 2018/11/15)
- [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2018/11/12) 推奨
- [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2018/11/12) 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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
- [インストール | Rパッケージ | ほぼ全て\(削除予定\)](#) (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](#) (last modified 2019/01/22) 推奨 **NEW**

[トップページへ](#)

(Rで)塩基配列解析

①(Rで)塩基配列解析の、②「基本的な利用法」のリンク先や、ちょっとページ下部に移動して見られる③のリンク先と同じ。

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html

- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)
- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
- [インストール | について](#) (last modified 2019/01/24) **NEW**
- [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2019/01/24) 推奨 **NEW**
- [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2019/01/24) 推奨 **NEW**
- [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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
- [インストール | Rパッケージ | ほぼ全て\(削除予定\)](#) (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](#) (last modified 2019/01/22) 推奨 **NEW**
- [インストール | Rパッケージ | 必要最小限\(削除予定\)](#) (last modified 2015/05/25)
- [インストール | Rパッケージ | 個別\(2018年11月以降\)](#) (last modified 2018/11/12)
- [インストール | Rパッケージ | 個別\(2018年11月以前\)](#) (last modified 2018/11/12)
- [基本的な利用法](#) (last modified 2019/01/15) **NEW**
- [サンプルデータ](#) (last modified 2018/06/09)
- [イントロ | 一般 | ランダムに行を抽出](#) (last modified 2014/07/17)
- [イントロ | 一般 | 任意の文字列を行の最初に挿入](#) (last modified 2014/07/17)
- [イントロ | 一般 | 任意のキーワードを含む行を抽出\(基礎\)](#) (last modified 2016/04/20)
- [イントロ | 一般 | ランダムな塩基配列を生成](#) (last modified 2014/06/16)
- [イントロ | 一般 | 任意の長さの可能な全ての塩基配列を作成](#) (last modified 2015/02/19)
- [イントロ | 一般 | 任意の位置の塩基を置換](#) (last modified 2013/09/12)
- [イントロ | 一般 | 指定した範囲の配列を取得](#) (last modified 2015/04/06)
- [イントロ | 一般 | 指定したID\(染色体やdescription\)の配列を取得](#) (last modified 2014/03/10)
- [イントロ | 一般 | 翻訳配列\(translate\)を取得\(基礎\) | Biostrings](#) (last modified 2015/09/12)
- [イントロ | 一般 | 翻訳配列\(translate\)を取得\(応用\) | seqinr\(Charif_2005\)](#) (last modified 2015/03/09)
- [イントロ | 一般 | 相補鎖\(complement\)を取得](#) (last modified 2013/06/14)

[トップページへ](#)

①「基本的な利用法」のリンク先が、②です。

(Rで)塩基配列解析

(Rで)塩基配列解析
(last modified 2019/01/22, 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](#) (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27版)にてフリーソフト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](#) (Windows2018.12.23版とMacintosh2019.01.15版)で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会書籍・学会誌など)を切り分けてサブページに移行しました。(2018/07/18)

- What's new? ([過去のお知らせはこちら](#))
- 2019年2月19日に「Rの講習会」を開催します。興味ある方はどうぞ。(2019/02/19)
 - 「[生命科学データベース・ウェブツール](#) (監修: 坊農秀雅・小野浩雅)」が公開されました。実際に中身を見てみると「確かに手に取って読む価値がある」と判断できると思います。(2019/01/22)
 - 「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」が出版されました。インフォの幅広い内容が含まれています。(2018/11/21)
 - [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)

基本的な利用法 NEW

以下は、[インストール | について](#)を参考にして必要なパッケージのインストールが完了済みのヒトを対象として、このウェブページの基本的な利用法を簡単に解説したものです。

- [Windows版](#)(R_seq_usersguide_win_20181223.pdf; 2018.12.23版)
- [Macintosh版](#)(R_seq_usersguide_mac_20190115.pdf; 2019.01.15版)

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
 - [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
 - [インストール | について](#) (last modified 2018/11/15)
 - [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2018/11/12)推奨
 - [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2018/11/12)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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
 - [インストール | Rパッケージ | ほぼ全て\(削除予定\)](#) (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](#) (last modified 2019/01/22)推奨 NEW
- [トップページへ](#)

(Rで)塩基配列解析

手持ちPCのOSに応じて、①または②を参考にして自習可能です。

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2019/01/22, 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](#) (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27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](#) (Windows2018.12.23版とMacintosh2019.01.15版)で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 2019年2月19日に「Rの講習会」を開催します。興味ある方はどうぞ。(2019/02/19)
- 「[生命科学データベース・ウェブツール](#) (監修: 坊農秀雅・小野浩雅)」が公開されました。実際に中身を見てみると「確かに手に取って読む価値がある」と判断できます。(2019/01/22)
- 「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」が出版されました。インフォの幅広い内容が含まれています。(2018/11/21)
- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)

基本的な利用法 NEW

以下は、[インストール | について](#)を参考にして必要なパッケージのインストールが完了済みのヒトを対象として、このウェブページの基本的な利用法を簡単に解説したものです。

- ① [Windows版](#) (r_seq_usersguide_win_20181223.pdf; 2018.12.23版)
- ② [Macintosh版](#) (r_seq_usersguide_mac_20190115.pdf; 2019.01.15版)

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
- [インストール | について](#) (last modified 2018/11/15)
- [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2018/11/12) 推奨
- [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2018/11/12) 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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
- [インストール | Rパッケージ | ほぼ全て\(削除予定\)](#) (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](#) (last modified 2019/01/22) 推奨 NEW

[トップページへ](#)

(Rで)塩基配列解析

手持ちPCのOSに応じて、①または②を参考にして自習可能です。①②は、③④と同じ。

(Rで)塩基配列解析

保護されていない通信 | www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2019/01/22, 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 (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27版)に従ってフリーウェア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](#) (Windows2018.12.23版とMacintosh2019.01.15版)で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 2019年2月19日に「Rの講習会」を開催します。興味ある方はどうぞ。(2019/02/19)
- 「[生命科学データベース・ウェブツール](#) (監修: 坊農秀雅・小野浩雅)」が公開されました。実際に中身を見てみると「確かに手に取って読む価値がある」と判断できると思います。(2019/01/22)
- 「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」が出版されました。インフォの幅広い内容が含まれています。(2018/11/21)
- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)

基本的な利用法 NEW

以下は、[インストール](#) | についてを参考にして必要なパッケージのインストールが完了済みのヒトを対象として、このウェブページの基本的な利用法を簡単に解説したものです。

- ① [Windows版](#) (r_seq_usersguide_win_20181223.pdf; 2018.12.23版)
- ② [Macintosh版](#) (r_seq_usersguide_mac_20190115.pdf; 2019.01.15版)

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
- [インストール | について](#) (last modified 2018/11/15)
- [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2018/11/12) 推奨
- [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2018/11/12) 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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
- [インストール | Rパッケージ | ほぼ全て \(削除予定\)](#) (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](#) (last modified 2019/01/22) 推奨 NEW

[トップページへ](#)

(Rで)塩基配列解析

①(Rで)塩基配列解析の、②の部分が重要だということです。ここをよく見て自習し、Rの基本的な利用法を身につけておけば、バイオインフォマティクスを学ぶスタートラインに立てると思われれます。③を残りの時間で少しお見せします。

(Rで)塩基配列解析

(last modified 2019/01/22, 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](#) (Windows2018.11.15版とMacintosh2018.11.27版)に従ってフリーウェア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](#) (Windows2018.12.23版とMacintosh2019.01.15版)で自習してください。2018年7月に(Rで)塩基配列解析の一部(講習会・書籍・学会誌など)を切り分けて[サブページ](#)に移行しました。(2018/07/18)

What's new? (過去のお知らせはこちら)

- 2019年2月19日に「Rの講習会」を開催します。興味ある方はどうぞ。(2019/01/22) **NEW**
- 「[生命科学データベース・ウェブツール](#) (監修: 坊農秀雅・小野浩雅)」が出版されています。目次を一見すると既視感がありますが、実際に中身を見てみると「確かに手に取って読む価値がある」と判断できると思います。(2018/11/29)
- 「[よくわかるバイオインフォマティクス入門](#) (藤博幸 編)」が出版されています。アラインメントの基本から深層学習までバイオインフォの幅広い内容が含まれています。(2018/11/21)
- [TCCのオンラインGUI版 \(のベータ版\)](#) を公開しました。(2018/10/15)

- [はじめに](#) (last modified 2018/08/04)
- [過去のお知らせ](#) (last modified 2018/11/25)
- [インストール | について](#) (last modified 2018/11/15)
- [インストール | R本体 | 最新版 | Win用](#) (last modified 2018/11/12) 推奨
- [インストール | R本体 | 最新版 | Mac用](#) (last modified 2018/11/12) 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 | について](#) (last modified 2018/11/13)
- [インストール | Rパッケージ | ほぼ全て\(削除予定\)](#) (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](#) (last modified 2019/01/22) 推奨 **NEW**

[トップページへ](#)

Rの講習会

①(Rで)塩基配列解析の、②の部分が重要だということです。ここをよく見て自習し、Rの基本的な利用法を身につけておけば、バイオインフォマティクスを学ぶスタートラインに立てると思われれます。このような講習会に出ても、ついてこられる...はず。

日時:2019年2月19日(火) 13:00-17:30 (受付 12:30-)

会場:東京大学 農学部2号館1階 第3講義室(東京都文京区)

参加費:無料

受講対象:企業に所属する社会人を主な対象としますが、教員・ポストク・学生らの参加も認めます。

定員:100名

受講申込:下記事項を明記の上、事務局宛てにメールしてください。

宛先:koshukai@iu.a.u-tokyo.ac.jp

件名:講習会受講申し込み

本文:以下の情報を記載してください。全て必須です。

1. 氏名(漢字)
2. 氏名(カナ)
3. 所属機関(企業名・大学名・研究所名などを記載してください)
4. 職位(研究員・技術系職員・教員・ポストク・学生など)
5. ノートPC貸与希望の有無

申込期限:2月15日(金)12:00まで

Rの講習会

この講習会の枠組みでは、①講義資料の公開予定はありません。受講申し込み者のみです。

予習事項: PC 持込の有無に関わらず、下記 URL を参考にして R の基本的な利用法を習得しておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#users_guide

また、持込 PC の方は下記 URL に従って必要なパッケージ群のインストールを済ませておいてください。

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install

その他:

1. ノート PC を用いた実習形式の講習会です。ご自身の PC を持ち込みたい場合は、下記 URL を参考にして R 本体とパッケージ群のインストールが完了している状態にしておいてください。
http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#about_install
2. 持込 PC に不具合が生じた場合は、ノート PC 貸与希望の有無に関わらず、事務局所有の貸与 PC で実習を続行可能ですのでご安心ください。
3. 受講希望者数次第では 13:00 からの講習会開始当初の混乱が予想されます。なるべく **11:00-12:00** の自習時間を有効活用して、スムーズに講習会に臨めるように心がけてください。
4. 講義資料の公開予定はありません。①
5. 事後に簡単なアンケートにお答えください。本講習会は、『経済産業省が推進する「未来の教室」実証事業】: 「産業界横断的なバイオ分野データサイエンス関連人材」のスキル標準の策定及びそれらの育成プログラムの開発/実証の一環として行われます。アンケート結果は、個人が特定できないようにして公表することがあります。

Rの講習会

プログラム(予定):

11:00-12:00 自習(任意参加)

予習事項の確認や講義内容の予習。持込 PC の方は、無線 LAN 設定やパッケージのインストール確認など。貸与 PC (持ち出し不可) の方は、貸与 PC での予習事項確認など。

13:00-13:05 趣旨説明

13:05-15:30 前半「R 基礎および Bioconductor の利用法」

有用なパッケージの探し方やマニュアルの読み解き方などを解説する予定です。「平成 27 年度 NGS ハンズオン講習会」の 7 月 29-30 日分の内容を 2.5 時間分に圧縮しつつ、後半で利用するパッケージのイントロ的な内容も多少含めるかもしれません(終了時刻は多少前後します)。

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

RStudio のインストールと基本的な使い方の紹介。探索的データ解析(Exploratory Data Analysis)、相関分析、機械学習の一つであるランダムフォレスト(Random Forest)を用いた分類や回帰の実例を紹介する予定です。

Rの講習会

私の担当予定部分。この中の一部を横浜市大用にアレンジする予定のものが…

プログラム(予定):

11:00-12:00 自習(任意参加)

予習事項の確認や講義内容の予習。持込 PC の方は、無線 LAN 設定やパッケージのインストール確認など。貸与 PC (持ち出し不可) の方は、貸与 PC での予習事項確認など。

13:00-13:05 趣旨説明

13:05-15:30 前半「R 基礎および Bioconductor の利用法」

有用なパッケージの探し方やマニュアルの読み解き方などを解説する予定です。「平成27年度 NGS ハンズオン講習会」の7月29-30日分の内容を2.5時間分に圧縮しつつ、後半で利用するパッケージのイントロ的な内容も多少含めるかもしれません(終了時刻は多少前後します)。



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

RStudio のインストールと基本的な使い方の紹介。探索的データ解析(Exploratory Data Analysis)、相関分析、機械学習の一つであるランダムフォレスト(Random Forest)を用いた分類や回帰の実例を紹介する予定です。

①第2回の予定講義内容。しかしこちらのほうの時間が圧倒的に短いので、おそらく消化不良になると思います。

計3回の予定講義内容

■ バイオインフォマティクス: 概論とRの基礎(1/25)

バイオインフォマティクスを学ぶ上でのRの位置づけや、基本的な利用法に関する本当に極初級者向けの解説

■ バイオインフォマティクス: Rパッケージの話(2/22)

Rを利用する際によく聞くパッケージというものの概念的な話や、どのようにして利用したいパッケージを見つけ出すかなどのお話。

■ バイオインフォマティクス: 解析結果の解釈など(3/15)

ガン vs. 正常などの状態の異なるグループ間でのクラスタリングや発現変動解析を行う実例や結果の解釈についての解説。Rを覚える時間がないヒトでもウェブツールを利用して同様の解析ができる話など。



資料はコチラ

①ググって、②私のホームページの、
③講義、のところにPDFがあります

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・論文など](#) (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**

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。

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 ▾

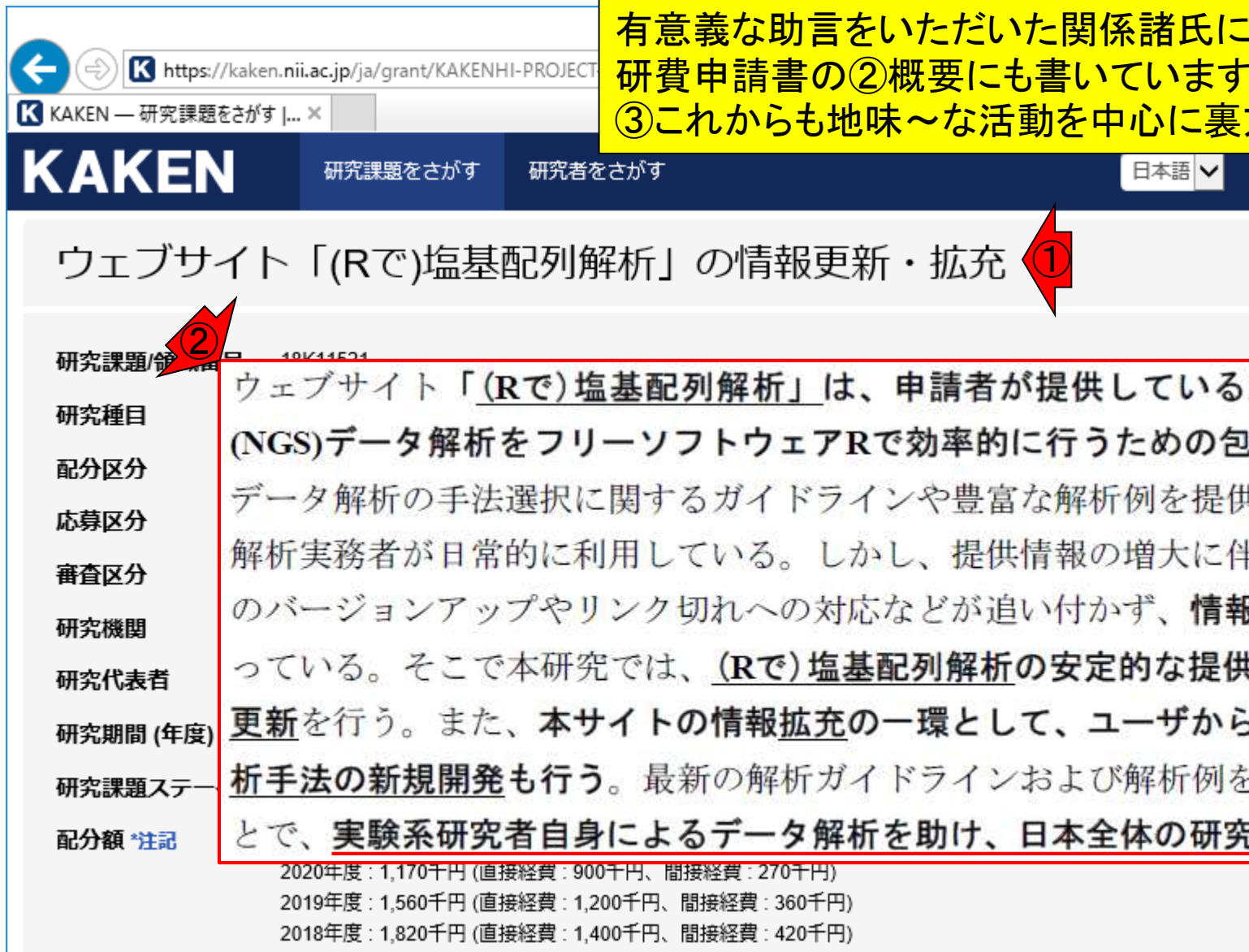
ウェブサイト「(Rで)塩基配列解析」の情報更新・拡充

研究課題/領域番号	18K11521
研究種目	基盤研究(C)
配分区分	基金
応募区分	一般
審査区分	小区分62010:生命、健康および医療情報学関連
研究機関	東京大学
研究代表者	門田 幸二 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	採択(2018年度)
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)のウェブサイトには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 and search options. The main content area displays the title 'ウェブサイト「(Rで)塩基配列解析」の情報更新・拡充' with a red arrow pointing to it labeled '①'. Below the title, there is a table with columns for '研究課題/競争型番号', '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', and '配分額*注記'. The '研究課題/競争型番号' cell contains '18K14524'. The '研究種目' cell contains '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。' with a red arrow pointing to it labeled '②'. The '配分額*注記' cell contains '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)'. A red arrow labeled '③' points to the end of the main text block.

