

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)

# 「速習」コース開催報告

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.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/>

# はじめに

このスライドPDFは、①H26年度NGS速習コース報告書のプレゼン資料を一部  
改変してアップデートしたものです。

 **NBDC** National Bioscience Database Center - 散在するデータベースを、まとめて、使い易く - **バイオサイエンスデータベースセンター**  国立研究開発法人 **科学技術振興機構**  
LEAD SCIENCE AND TECHNOLOGY

文字サイズ変更 大 中 小


English サイトマップ サイト内検索

- ホーム
- NBDCについて
- 研究開発
- 公募情報
- 採用情報
- 広報
- 人材支援**
- お問い合わせ
- リンク

Home ▶ 人材支援 ▶ 支援 ▶ 講習会 ▶ 平成26年度NGS速習コース講習会

## ■平成26年度NGS速習コース講習会（2014年9月1日～12日）

「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）」の速習部分について、講習会を開催しました。

- [H26年度概要](#)
- [H26年度講義日程・参考資料](#)
- [H26年度講習会時の情報についてはこちらをご覧ください。](#)
- [H26年度講義資料・動画](#)
- [講習会実施報告書（PDFファイル：3.7MB）](#) 
- [講師資料・動画](#)

実施日	実施時間	大項目	項目番号および項目	レベル	形式	担当講師（敬称略）	講義資料・動画
9月1日	10:40-12:00	1.コンピュータリテラシーとサーバー設計	1-1. OS、ハード構成	初級	講義	中村 保一（DDBJ）	<a href="#">統合TV</a>
	13:15-14:45		1-2. ネットワーク基礎				
	15:00-16:30		1-3. UNIX I	初級	実習	仲里 猛留（DBCLS）	<a href="#">統合TV</a>
	16:45-18:15						
9月2日	10:30-12:00			中級	実習	仲里 猛留（DBCLS）	<a href="#">統合TV</a>
	13:15-14:45						

# 自己紹介 (アグリバイオインフォマティクス)

ハンズオン講義(PCを用いた実習を含むバイオインフォ講義)の実務派。少数のスタッフで行っているアグリバイオの活動のみで基本的に手一杯。

## 学歴および職歴

- 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・CBRC
- 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)

## アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム

- 他大学の学生や社会人も受講できる、希少なバイオインフォ教育プログラム
- 以下に示すように1科目以上の合格者数は着実に増加

年度	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
修士課程	12	65	73	83	68	72	107	100	121	124	108
博士課程	3	7	11	13	6	8	12	21	16	19	24
社会人	5	3	8	4	1	0	11	19	32	26	55
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>187</b>
開講科目数	9	15	15	15	15	12	15	15	14	15	13
常勤教員数	6	6	7	7	7	3	4	4	3	2	2

# 自己紹介(基本スタンス)

全てのヒトに平等に教育機会を与える  
自習用の学習教材作成に意欲を燃や  
す教育系バイオインフォマティシャン

- 分からないヒトの立場にたち、わかりやすいハンズオン講義を追求
- 詳細かつ丁寧な講義・講演資料をPDFで無条件公開
- 主にフリーソフトウェアRを用いたデータ解析の手順をウェブ上で公開

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r.html

## (Rで)マイクロアレイデータ解析

(last modified 2015/01/16, since 2005)

What's new?

- 門田幸二 著 **シリーズ Useful R 第7巻 トランスクリプトーム解析** の知見や、ROKU法 (Kadota et al., 2006)、WAD法 (Kadota et al.) 中のマイクロアレイ解析部分のRコードについては、このページにあります。(2014/04/27)
- 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)**

はじめに (last modified 2014/05/14)

過去のお知らせ (last modified 2014/03/03)

Rのインストールと起動 (last modified 2014/05/14)

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 2014/06/02)

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 2014/05/12)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [1.2.1 原理\(Affymetrix 3'発現プロファイル\)](#) (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 2014/05/12)

書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.2.1 生データ\(プロロープレベル\)](#) (last modified 2014/05/12)

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 2014/05/12)

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 2014/05/12)

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 2014/05/12)

http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r\_seq.html#

## (Rで)塩基配列解析

~NGS、RNA-seq、ゲノム、トランスクリプトーム、正規化、発現変動、統計、モデル、バイオインフォマティクス~

(last modified 2015/01/19, since 2010)

What's new?

- このウェブページはフリーソフト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。初心者には、[1. Rのインストールと起動](#)および[2. 基本的な利用法](#)で自習してください。(2014/07/21)
- 2015年03月05-06日に産総研・臨海副都心センターでRのハンズオン講習会 **(Rでゲノム・トランスクリプトーム解析: CpG解析から機能解析まで)** が開催されます。キャンセル待ち受付は2015年2月3日(火) 午前11時を予定しているそうです。(2014/12/05)
- 門田幸二 著 **シリーズ Useful R 第7巻 トランスクリプトーム解析** 刊行(2014年4月; 共立出版)

参考資料(講義、講習会、本など)の項目を更新しました。(2015/01/17) **NEW**

**日本乳酸菌学会誌**のNGS関連連載の **第2回分PDF** を公開しました。関連項目は [こちら](#)。(2015/01/06) **NEW**

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) | **速習コース**の動画が **統合TV** より公開されました。速習コース全体を俯瞰できるYoutubeのリストは [こちら](#)。(2014/12/04)

はじめに (last modified 2014/01/30)

参考資料(講義、講習会、本など) (last modified 2015/01/17) **NEW**

過去のお知らせ (last modified 2015/01/17) **NEW**

Rのインストールと起動 (last modified 2014/09/08)

基本的な利用法 (last modified 2015/01/16) **NEW**

サンプルデータ (last modified 2014/08/22)

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) | **速習コース** (last modified 2015/01/19) **NEW**

書籍 | トランスクリプトーム解析 | について (last modified 2014/05/12) [トップページへ](#)

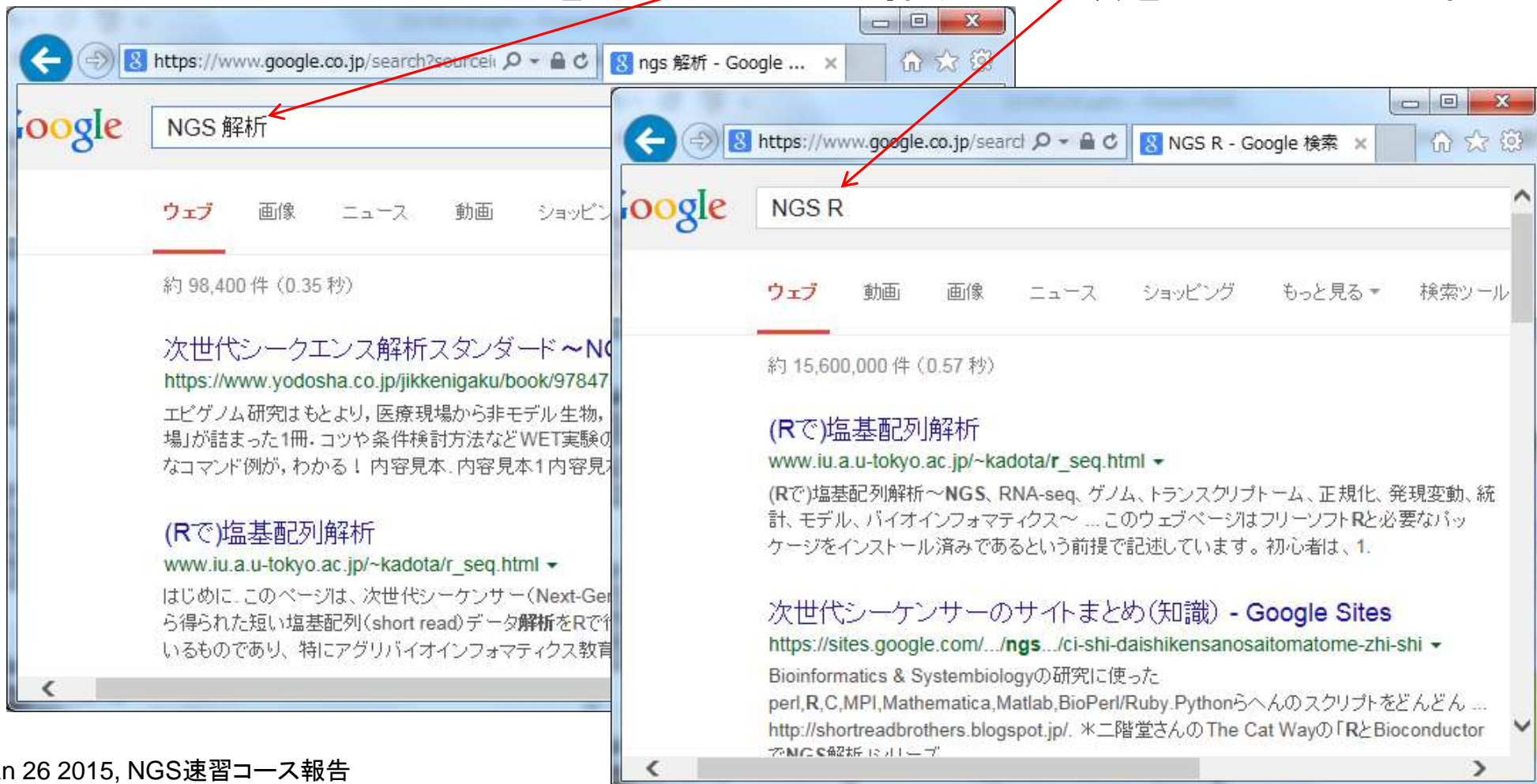
書籍 | トランスクリプトーム解析 | [2.3.1 RNA-seqデータ\(FASTQファイル\)](#) (last modified 2014/04/15)



# 自己紹介(基本スタンス)

(Rで)塩基配列解析上で、丁寧な学習教材を継続的に提供。NGS解析を行う実務者レベルで広く利用されている。

- 分からないヒトの立場にたち、わかりやすいハンズオン講義を追求
- 詳細かつ丁寧な講義・講演資料をPDFで無条件公開
- 主にフリーソフトウェアRを用いたデータ解析の手順をウェブ上で公開



# 講義風景：アグリバイオ vs. 「速習」コース

- 120名以上でも対応可能なアグリバイオ所有の無線LANを利用
- 「速習」コースで必要な環境構築済みのアグリバイオ所有PCを60台準備
- 2週間連続であることを考慮し、受講人数を最大80名程度に限定

アグリバイオ講義風景(約120名)



「速習」コース講義風景(約80名)



多くの機関および協力者の  
おかげで無事「速習」コース  
を終えることができました。

# 実施体制

■ 世話人：藤博幸先生、門田幸二

## ■ 主催

- 科学技術振興機構・バイオサイエンスデータベースセンター (JST-NBDC)  
NGS用カリキュラムの統括、企画・推進、講義実施および補助(ビデオ撮影)、ポータルサイトの構築、受講者への追跡調査。
- 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  
NGS用カリキュラム試行実施の統括、講師の選定、具体的な講義内容の検討、実習用PCへのソフトウェアインストール作業、講義実施および補助(Teaching Assistant; TA)、受講者アンケートの実施、教材に関する情報収集、ポータルサイトの構築支援。

## ■ 共催

- HPCI戦略プログラム分野1「予測する生命科学・医療および創薬基盤」人材養成プログラム(産総研・ゲノム情報研究センター)  
受講申込業務全般(受付ウェブシステムの開発・運用、事務連絡)、講義補助(TA)。
- 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS)  
講義実施および補助(ビデオ撮影とTA)、講義映像編集および統合TVでの公開業務全般。
- 日本DNAデータバンク(DDBJ)：講義実施および補助(TA)。

# 受講対象、受講条件など

- **会場**: 東京大学農学部2号館2階第一講義室
  - 3人掛け×10列×4ブロック = 最大120名。
- **日程**: 2014年9月1~12日の計10日間(土日除く)
- **受講対象**: 学生・社会人問わず可能
- **優先順位**:
  1. 全日程参加可能かつ修士卒以上の方
  2. 全日程参加可能な方
  3. 参加可能な日程の多い方
- **募集人数**: 30名程度(最大80名程度)
- **応募状況**:
  - 受講申込受付サイト公開: 5月7日
  - 全日程受講希望者の受付開始: 6月2日
    - 受講申込推移: 42名(6月2日)、80名(6月14日)、93名(6月24日)で打ち切り
  - 一部日程受講希望者の受付(開始予定は7月2日)は行わないこととした





持込PCへのソフト未インストールや各種不具合対応によって、最終的に40台程度のアグリバイオPCが利用された。

# 受講生86名の内訳

- **所属**: 大学: 59名、研究所: 12名、企業: 12名、その他: 3名
- **年齢**: 20代: 36名、30代: 38名、40代: 7名、50代: 5名
- **バックグラウンド**: バイオ系: 67名、IT系: 7名、その他: 12名
- **Linux利用経験**:  
全く触ったことがない: 21名、使ったことはあるがよく覚えていない: 22名、簡単なコマンドなら知っている: 27名、時々or頻繁に使っている: 16名
- **R利用経験**:  
全く触ったことがない: 24名、使ったことはあるがよく覚えていない: 24名、簡単なコマンドなら知っている: 22名、時々or頻繁に使っている: 16名
- **NGS利用経験**:  
今のところ使用予定はない: 5名、使ったことはないが近いうちに使用予定: 27名、いずれ使用すると思う: 27名、時々or頻繁に使っている: 27名
- **実習PC環境**:  
Windows持込: 32名、Macintosh持込: 29名、アグリバイオPC貸与希望: 25名

# 講義日程、項目、内容

実施日	実施時間	項目番号および項目	レベル	形式	担当講師(所属)
9月1日	10:40-12:00	1-1. OS、ハード構成	初級	講義	中村保一(DDBJ)
	13:15-14:45	1-2. ネットワーク基礎	初級	講義	中村保一(DDBJ)
	15:00-18:15	1-3. UNIX I	初級	実習	仲里猛留(DBCLS)
9月2日	10:30-18:15	1-3. UNIX I	中級	実習	仲里猛留(DBCLS)
9月3日	10:30-18:15	1-4. スクリプト言語(シェルスクリプト)	中級	実習	服部恵美(Amelieff)
9月4日	10:30-18:15	1-4. スクリプト言語(Perl)	中級	実習	服部恵美(Amelieff)
9月5日	10:30-14:45	2-1. 配列解析基礎	初級	実習	坊農秀雅(DBCLS)
	15:00-18:15	2-2. バイオ系データベース概論	初級	実習	小野浩雅(DBCLS)
9月8日	10:30-12:00	3-1. R基礎1	初級	実習	門田幸二(東京大学)
	13:15-14:45	3-2. R基礎2	初級	実習	門田幸二(東京大学)
	15:00-18:15	3-3. R各種パッケージ	中級	実習	門田幸二(東京大学)
9月9日	10:30-14:45	3-4. R Bioconductor I	中級	実習	門田幸二(東京大学)
	15:00-18:15	3-5. R Bioconductor II	中級	実習	門田幸二(東京大学)
9月10日	10:30-12:00	4-1. 次世代シーケンサ基礎I	初級	講義	倉田哲也(NAIST)
	13:15-14:45	4-2. 次世代シーケンサ基礎II	初級	講義	倉田哲也(NAIST)
	15:00-18:15	4-3. 次世代シーケンサ実習I	初級	実習	山口昌雄(Amelieff)
9月11日	10:30-14:45	4-4. 次世代シーケンサ実習II (ChIP-seq)	初級	実習	河岡慎平(ATR)
	15:00-16:30	6. 分子生命科学	初級	講義	河岡慎平(ATR)
	16:45-18:15	5-1. ゲノム情報倫理概論	初級	講義	箕輪真理(NBDC) 川嶋実苗(NBDC)
	9月12日	10:30-14:45	4-4. 次世代シーケンサ実習II (多型解析)	初級	実習
	15:00-18:15	4-4. 次世代シーケンサ実習II (RNA-seq)	初級	実習	山口昌雄(Amelieff)

# 講師選定（懸念事項）

- 本コースは講師に多大な体力的・精神的負担
  - 受講生のPC環境が多様（OSの違い、メモリ、HDD容量）  
→ 徹底的に動作確認する必要性
  - 多いヒトは、丸2日分の講義資料を作成する必要性（たとえ数時間分であっても多くの講師にとって未知の分量）
    - 講習会が早く終わってしまったら（または終わらなかったら）...
    - 講義資料作成が間に合わない可能性
    - 体調不良...
- 「担当可能な講師が見つからなかったので一部の項目は実施できませんでした」という報告も視野に...
- 一般に講師数が増えると全体としての統一感が下がる
  - 本コースで設定したレベルは初級が中心だが、初級とはこうあるべきという基準も講師ごと、そして受講生ごとに異なる
  - できるだけ多くの時間数を担当可能なヒトを選定したいが...

4月の段階で代打要員まで確保できたのは想定外でしたが、多くの先生方からご協力を戴きました。

# 講師選定(実際)と謝辞

- 4月7日より講師選定をスタートし、4月16日に一通り終了
  - 鈴木穰先生を講師の最終兵器として確保(4/7)
    - 鈴木先生には最終的に本コース以外の別の講習会で講師を担当して頂きました。
  - 9月10日の講師となった倉田哲也先生を確保(4/7)
  - 9月11日の講師となった河岡慎平先生を確保(4/10)
  - 9月5日の講師となった坊農秀雅先生に相談し、周りのヒトに声をかけてもらう(4/15)
    - 中村保一先生、仲里猛留先生、小野浩雅先生の講師受諾までまとめて下さりました(4/16)
  - 山口昌雄先生を確保(4/16)
    - 9月3-4日の講師となった服部恵美先生とともに、残りの講師未定枠を全て引き受けてくださる形で講師選定問題が一通り解決(4/16)
    - 山口昌雄先生には、Linux環境構築(Bio-Linuxのイメージファイル作成)でも全面的に支援をいただきました。
- 代打要員
  - 確定した講師が諸事情により任務遂行不可能になった場合を想定
  - 広範囲の項目を担当可能な鈴木穰先生と鈴木健介先生、および東京大学の新村芳人先生を確保(4/19)

# 講義内容(実際)

- 大項目1.コンピュータリテラシーとサーバー設計(4日分:9月1-4日)
  - 0.5日分:コンピュータ、インターネット、セキュリティの基本の理解。
  - 1.5日分:Bio-Linux導入(確認)、UNIXの基礎、Linuxコマンドやオプション。
  - 2.0日分:シェルスクリプト、プログラミング言語Perl。
- 大項目2.配列インフォマティクス(1日分:9月5日)
  - 0.5日分:ファイル形式、アラインメント、BLAST検索等の配列解析基礎。
  - 0.5日分: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。
- 大項目3.データ解析基礎(2日分:9月8-9日)
  - フリーソフトRのインストール(確認)。基本的な利用法、数値や集合演算。代表的な塩基配列解析用パッケージを概観。FASTQ形式ファイルの読み込みなど。
- 大項目4.次世代シーケンサ(2.5日分:9月10-12日)
  - 0.5日分:NGS解析全般の概論
  - 2.0日分:ファイル形式、クオリティチェック、データの可視化(IGVやゲノムブラウザ)。iPS細胞データのChIP-seq解析、変異(SNVとIndel)検出、RNA-seq解析。
- 大項目5.ゲノム関連の倫理・法律(1時間:9月11日)
  - プライバシー保護などの倫理的問題、法的問題の国内外の状況など。
- 大項目6.分子生命科学(20分:9月11日)
  - エピジェネティクス、白血病細胞のChIP-seq解析の経験談。

# 講義風景

## ■ 山口昌雄先生(9月12日)



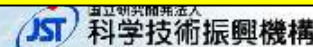
# 講義映像、講義資料

講義映像は共催機関(DBCLS)の全面的な協力のもと、統合TV版とYoutube版を公開。①講義資料PDFも統合TVのサイトから取得可能。



- 散在するデータベースを、まとめて、使い易く -

バイオサイエンスデータベースセンター



文字サイズ変更 大 中 小

English サイトマップ サイト内検索 検索... 検索

- ホーム
- NBDCについて
- 研究開発
- 公募情報
- 採用情報
- 広報
- 人材支援
- お問い合わせ
- リンク

Home > 人材支援 > 支援 > 講習会 > 平成26年度NGS速習コース講習会

## 平成26年度NGS速習コース講習会 (2014年9月1日~12日)

「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)」の速習部分について、講習会を開催しました。

[H26年度概要](#)

[H26年度講義日程・参考資料](#)

[H26年度講習会時の情報についてはこちらをご覧ください。](#)

[H26年度講義資料・動画](#)

● [講習会実施報告書 \(PDFファイル: 3.7MB\)](#)

● [講師資料・動画](#)



実施日	実施時間	大項目	項目番号および項目	レベル	形式	担当講師 (敬称略)	講義資料・動画
9月1日	10:40-12:00	1.コンピュータリテラシーとサーバー設計	1-1. OS、ハード構成	初級	講義	中村 保一 (DDBJ)	<a href="#">統合TV</a>
	13:15-14:45		1-2. ネットワーク基礎				
	15:00-16:30		1-3. UNIX I	初級	実習	仲里 猛留 (DBCLS)	<a href="#">統合TV</a>
16:45-18:15							
9月2日	10:30-12:00			中級	実習	仲里 猛留 (DBCLS)	<a href="#">統合TV</a>
	13:15-14:45						

# アンケート結果

- 受講生86名のうち51名(記名回答者は46名)がアンケートに回答
- 追跡調査:協力する43名、協力しない6名、無回答2名

Q1. 2週間で実施いたしました、期間は適切でしたか？(3択)

適切:39名、長い:8名、短い:2名

Q2. 講義、実習の内容から考えて、受講人数は適切でしたか？(2択)

適切:45名、多い:4名

Q3. 速習コースの容量は適切でしたか？(3択)

適切:39名、多い:5名、少ない:5名

Q4. 速習コースのカリキュラム(習得技術項目)は、適切でしたか？(3択)

適切:38名、他の項目を追加した方がよい:10名、不要な項目があった:6名

Q5. 速習コース全般の満足度(不満足1～満足5の5段階評価)

5:26名、4:20名、3以下はゼロ。

Q6. 速習コース全般について、ご意見や改善提案をご記入ください。

Q7. 速習コースの次のステップとして、どのような講習会があれば参加したいと思いますか。具体的にご記入ください。



アンケートQ6の回答として、多くの受講生から好意的なコメントが寄せられた。H27年度ハンズオン講習会でもつぶやいてください。

# オブザーバー制度、Twitter

## ■ オブザーバー制度

- **背景:** 大規模なハンズオン講習会は優秀な指導補助(TA)の確保が重要なポイント
- **対策1:** 受講生に、「周囲に困っている人に対して、わかる範囲でアシストをお願い」
- **対策2:** 主に日頃指導する側の立場の人を対象として、講義の仕方や指導内容を学んでもらいつつ、実習の補助をTAとして担ってもらうことを期待し、受講生募集と並行してオブザーバーの募集も行った。
- **結果:** 交通費、宿泊費、TA代などは出ないため自腹での参加であったが、福岡、岡山、広島、京都、名古屋、千葉、東京から若手を中心に9名の申込みがあった。
- **総評:** 非常にうまく機能。通常の受講生からの質問対応の他に以下のような貢献。
  - 講師が答えられないような質問に対して、オブザーバーがその場ですぐにコメント
  - 休憩時間中に解決策を見出して、休憩後にオブザーバーが解説
  - 講師の講義スライドを映したスクリーンの他に、別のスクリーンも利用してオブザーバーのPC画面で実際のコマンド打ち込み例を示すことにも貢献

## ■ Twitter (<https://twitter.com/hashtag/AJACS>)

- 質疑応答ですぐに解決策が見つからなかった場合でも、オブザーバー、受講生、および他の講師らが発見した解決策を#AJACSのハッシュタグつきでツイートすることで情報の共有を効率的に行うことができた。

需要を満たすべく、実施規模は可能な限り大きいほうがよいのではないだろうか。

# 所感

## ■ 受講期間(Q1. 2週間)や受講人数(Q2. 86名)について

- 適切という回答が大多数。
- 最大120名収容可能な講義室でゆとりを持たせたためであろう
- キャンセル待ちの問合せも寄せられており、この種の講習会の需要はあると思われる
- 当初は15名程度の受講人数を想定。大幅な人数超過は独断であったが、開催にかかる諸費用、NGS解析分野の進展などを勘案しても、大人数に対してタイムリーに受講機会を与えることができたという点において正しいと確信。
- 「受講人数が多い」と回答したのは49名中4名であり、少数派意見として無視できるレベル。意見を尊重し受講人数を40名程度に絞っていたら、4名のうち追跡可能な3名全てが受講資格を与えられていなかったことを確認済み。

## ■ 講習会会場、開始・終了時間について

- 東大農学部の講義室。最寄り駅(地下鉄南北線東大前駅)徒歩1分。
- 地方のホテルか旅館で行うという案も当初あったが、実績のある通常利用講義室を放棄してまで、未知会場での開催による不安要素を増やす選択肢が存在しなかった。
- 実際、アグリバイオ講義の経験通り「安定した無線LAN環境、およびアグリバイオ所有ノートPCでの速やかな持込PCの不具合対応」により、滞りなく速習コースを終えることができた。
- 受講生(特に学生)の金銭的負担の点も考慮。
- 若干遅めの10:30スタートのおかげでどうにか2週間通えたというコメントも存在。

受講生の要望は講義ではなく  
実習(アグリバイオと同じ傾向)。  
カリキュラム改善の余地あり。

# 所感

- 速習コースのカリキュラムについて
  - 講義間の連携や順番の改善を期待する声が大きかった。
  - Q4. 適切:38名、他の項目を追加した方がよい:10名、不要な項目があった:6名
- 追加希望項目
  - R(統計解析)関連3名、プログラミング言語Python2名、アセンブル2名。
  - その他として、系統ゲノム、比較ゲノム、分子進化、エピゲノム、メタゲノム、モデル生物以外の解析の進め方の例など。
- 不要だと思ふ項目
  - 講義のみの科目が多くを占めた(特にゲノム倫理)。講習会会場が東大農学部であり、事実上ヒトを取り扱わない受講生にとっては無関係であることも影響しているのだろう。アンケートでも書かれていたが、ゲノム倫理の講義前に少なくとも数名がいなくなった。
  - 「大項目1.コンピュータリテラシーとサーバー設計(4日分:9月1-4日)」は3名。IT系で何らかのプログラミング言語を習得してきているものには自力で十分習得できる内容なので不要、という意見。
- 本来、不要だと思ふ科目がある受講生は全日程参加ではなく一部日程参加で申し込むべきである。しかし、全日程参加で申込みをしておかねば受講できない恐れがあるという意識が働いたか、受けてから不要と思ったかは不明。

# カリキュラム改善提案（講義系）

- 「大項目6.分子生命科学」の講義内容および項目番号について
  - 本来の講義内容は、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）。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）。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）。
  - 受講生の大半はバイオ系。実際に行われた講義内容は全く基礎的な内容ではなかった（個人の感想です）にもかかわらず、（講義時間が20分しかなく、コース終盤の9/11で疲れ切っていたためか）異論は皆無。好意的なコメントすら寄せられていた。
  - 講師陣が挙げたNGS関連の参考書に目を通しておくことを通じて、NGS分野で頻用される用語やバイオ関連の基礎知識を事前に自習してもらっておけばそれで十分かもしれない。つまり項目としてはなくてもいいかも。
  - 残すとしても、「大項目2. 配列インフォマティクス（9/5）」の前に配置させたほうがよいただろう。大項目1 → 2への移行時にIT系のオブザーバーおよび受講生の多くが置き去りに...
- 「大項目5. ゲノム関連の倫理・法律（9/11）」は速習コース枠から外す
  - 受講希望者へのヒト情報を取扱う予定があるかどうかについての事前アンケート情報をもとに、該当者には平成26年度の講義映像および資料で自習してもらおう。
  - コースの枠組みに残すとしても、可能な限り疲れ切っていないコース前半、あるいは午前にしたほうがよい。

# カリキュラム改善提案(実習系)

- 「大項目1.コンピュータリテラシーとサーバー設計」
  - 講義部分(1-1. OS, ハード構成と1-2. ネットワーク基礎)は統合TVなどで自習
  - 受講生の希望に応じて、プログラミング言語Pythonも行う
  - 今年度の「1-3. UNIX I(Linux導入)」の実体として行ったBio-Linuxの導入は、実質的に「1-5. UNIX II(Windows OS上のUNIX環境構築)」と同義。
- 「大項目2.配列インフォマティクス」
  - 平成26年度の講師(坊農秀雅先生と小野浩雅先生)はDBCLS所属。年に数回地方を含めて開催している統合データベース講習会AJACSへの参加を促す。統合TVで自習。
- 「大項目3.データ解析基礎」
  - 2日間のR実習(門田担当)。受講生の希望はR(特に統計関連)の追加。HPCI人材養成プログラムにおいて、統計を含むNGS関連R講習会が開催されるなどR関連は比較的充実しているが、需要を賄いきれていないようだ(2015/3/5-6;受講申込受付初日で満席)。
  - 「4-4.次世代シーケンサ実習II」の枠組みで、Rによる統計解析の基礎を追加。
- 「大項目4.次世代シーケンサ」
  - 受講生が最も期待しているところ。他の項目で平成26年度速習コースの統合TV視聴で賄えるところは賄い、次年度以降の速習コースでの日数をできる限り確保。

# PCの事前準備について

- 「1-3. UNIX I」(1.5日分; 仲里猛留先生; 9/1-2)
  - 習得技術は、UNIXの基礎の理解およびLinux導入であった。
  - 一般にLinux環境構築は半日程度を要するが、受講生間の進度のばらつきが非常に大きい。
  - TAを含むスタッフは個別対応で忙殺される一方、環境構築が早々と終わった受講生は暇。
    - 仲里猛留先生のLinux導入部分でどの程度時間がかかるのか予測しづらい状況
    - WinとMacが混在する環境下で、如何にして統一的に講習を進めるかが現実的な課題
- Linux導入部分の対策
  - 仮想化ソフトウェアVirtualBoxをインストールし、Bio-Linux 7を利用する方針とした。
  - NGS教材整備の一環として、日本乳酸菌学会誌のNGS解析連載記事(第1回PDF; 2014年7月公開)で周辺情報を提供。
  - 詳細なインストール手順書を作成して公開し、事前準備の一環としてBio-Linux 7のインストールを受講生に要求した。
  - 目的は、個別対応を要する受講生数をできるだけ減らし、Bio-Linux 7導入後の実習(UNIXの基礎の理解、を含むLinuxコマンド習得)に素早く移行し有意義な時間を過ごすこと。
  - 上記理想を掲げつつも、現実にはLinux環境構築完了に時間を要することある程度覚悟。
  - 開始約10分で大多数の受講生のBio-Linux 7導入確認を完了し、要個別対応者数が2名に!

# 来年度の講習会（基本方針）

- できるだけ講師数を減らしてコース全体の連携を強化し、実習枠を拡大
- 講義系は自習
- 「速習」コースの枠組みにはとらわれない。とにかく需要を満たす。
- 「大項目1.コンピュータリテラシーとサーバー設計」: 部分受講可
  - 今年度の「1-3. UNIX I」の実体として行ったBio-Linuxの導入は、実質的に「1-5. UNIX II」のWindows OS上のUNIX環境構築と同義。
  - 次年度は、日本乳酸菌学会誌のNGS解析連載資料で自習を基本とする。ハンズオン講義としての受講希望者のために1~2日分は確保。
  - 「1-4. スクリプト言語」で、シェルスクリプト、プログラミング言語PerlとPython。3日程度確保。
- 「大項目2.配列インフォーマティクス」: 統合TVで自習
- 「大項目3.データ解析基礎」: 部分受講可
  - 受講できなくとも、統合TVを見ればよい。2日分確保
- 「大項目4.次世代シーケンサ」
  - 「4-3. 次世代シーケンサ実習I」および「4-4. 次世代シーケンサ実習II」の内容を充実。

# 講習会の円滑な運営のために

## ■ 主催側

- 受講者数の1/3程度以上のUSBメモリを用意:ネットワーク不具合対応
- 文字の大きさが確保された配布資料を用意:コマンドで日本語フォントは鬼門
- 質問の切り分け:全体にとって有益な講師への質問と、動作確認程度のTAへの質問
- 質問しやすい雰囲気づくり:(懇親会)
- 質問時のマイクの使用徹底:遠くのヒトは聞こえづらい
- スクリーン下部に注意を払う:スライドの下の方は見えづらい
- 予備の(ノート)PCを可能な限り確保:不具合対応
- OSの違いに気をつける:講師の動作環境の結果が全てではない



## ■ 講師側

- 主催側の意図や希望に沿った実習を心がける:整合性や統一性向上に寄与
- 講義資料送付などの締切を厳守:主催側での動作確認が困難にならぬよう...
- 受講生への事前ソフトウェアインストール指示は早めに:直前にいろいろ言われても...
- 実習当日のネットワーク接続不良への事前対応:USBでデータファイルを配布できる準備
- 丁寧な講義資料を作成:置き去りにされても受講生が自力で追いつけるように
- コピペ用コード集も用意:打ち込みミス避けられ、遅れていても追いつける
- 「手を動かしながら聞いてください」は極力避ける:入力ミスなどで遅れがちなヒトの気持ちに
- 受講生のPC環境は多様だということを認識する:OSの違いに気をつけると同義



7月22日～8月6日が基本コース。  
8月26～28日は予備日。

# 来年度の講習会日程(予定)

- 7月22日(水) } ・Bio-Linux 8とRのインストール状況確認(門田)
- 7月23日(木) } ・「1-3. UNIX I」として、LinuxコマンドなどUNIXの基礎の理解(門田)
- 7月24日(金) } ・「1-5. UNIX II」のWindows OS上のUNIX環境構築
- 7月27日(月) } ・「1-4. スクリプト言語」: シェルスクリプト、Perl、**Python**
- 7月28日(火) }
- 7月29日(水) } ・「3. データ解析基礎」: 3-1. R基礎から3-5. R Bioconductor IIまで(門田)
- 7月30日(木) }
- 8月3日(月) } ・「4. 次世代シーケンサ」: 2.5日分から**4日分に増加**。
- 8月4日(火) }
- 8月5日(水) } ・「4-7. 発現解析」: カウントデータ取得、および取得後の
- 8月6日(木) } データ解析手順や結果の解釈などの統計解析周辺(門田)
- 8月26日(水) }
- 8月27日(木) }
- 8月28日(金) }