

Contents

- 平成28年度ハンズオン講習会概要
- 3部構成、部間の連携
- 昨年度との重複
- 平成27 → 28年度
- 各部の概要説明
 - 第1部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第2部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第3部の概要、予習事項、想定受講者

平成28年度概要

～ 平成27年度 ～

7/22(水): PC環境の構築
7/23(木): Linux基礎
7/24(金): シェルスクリプト

7/27(月): Perl
7/28(火): Python
7/29(水): データ解析環境R
7/30(木): データ解析環境R

8/3(月): NGS解析(基礎)
8/4(火): NGS解析(ゲノムReseq、変異解析)
8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 代表的なパイプライン)
8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 統計解析)
8/6(木): NGS解析(ChIP-seq)

8/26(水): 予備日
8/27(木): 予備日
8/28(金): 予備日

～ 平成28年度 ～

7/19(火): PC環境の構築
7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系)
7/21(木): 統計解析(発現解析系)
7/22(金): 統計解析(発現解析系)

7/25(月): NGS解析基礎
7/26(火): ゲノムReseq、変異解析
7/27(水): RNA-seq
7/28(木): ChIP-seq

8/1(月): Linux環境でのデータ解析1
8/2(火): Linux環境でのデータ解析2
8/3(水): ウェブツール、ロングリード
8/4(木): トランスクリプトーム解析系

平成28年度概要

根強い人気のある初級～中級向けのLinux環境でのNGS解析の講義は、本講習会の中核として継続実施。

～ 平成27年度 ～

7/22(水): PC環境の構築

7/23(木): Linux基礎

7/24(金): シェルスクリプト

7/27(月): Perl

7/28(火): Python

7/29(水): データ解析環境R

7/30(木): データ解析環境R

8/3(月): NGS解析(基礎)

8/4(火): NGS解析(ゲノムReseq、変異解析)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 代表的なパイプライン)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 統計解析)

8/6(木): NGS解析(ChIP-seq)

8/26(水): 予備日

8/27(木): 予備日

8/28(金): 予備日

～ 平成28年度 ～

7/19(火): PC環境の構築

7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系)

7/21(木): 統計解析(発現解析系)

7/22(金): 統計解析(発現解析系)

7/25(月): NGS解析基礎

7/26(火): ゲノムReseq、変異解析

7/27(水): RNA-seq

7/28(木): ChIP-seq 初～中級

8/1(月): Linux環境でのデータ解析1

8/2(火): Linux環境でのデータ解析2

8/3(水): ウェブツール、ロングリード

8/4(木): トランスクリプトーム解析系

平成28年度概要

～ 平成27年度 ～

7/22(水): PC環境の構築

7/23(木): Linux基礎

7/24(金): シェルスクリプト

7/27(月): Perl

7/28(火): Python

7/29(水): データ解析環境R

7/30(木): データ解析環境R

8/3(月): NGS解析(基礎)

8/4(火): NGS解析(ゲノムReseq、変異解析)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 代表的なパイプライン)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 統計解析)

8/6(木): NGS解析(ChIP-seq)

8/26(水): 予備日

8/27(木): 予備日

8/28(金): 予備日

～ 平成28年度 ～

7/19(火): PC環境の構築

7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系)

7/21(木): 統計解析(発現解析系)

7/22(金): 統計解析(発現解析系)

7/25(月): NGS解析基礎

7/26(火): ゲノムReseq、変異解析

7/27(水): RNA-seq

7/28(木): ChIP-seq

8/1(月): Linux環境でのデータ解析1

8/2(火): Linux環境でのデータ解析2

8/3(水): ウェブツール、ロングリード

8/4(木): トランスクリプトーム解析系

Contents

- 平成28年度ハンズオン講習会概要
- 3部構成、部間の連携
- 昨年度との重複
- 平成27 → 28年度
- 各部の概要説明
 - 第1部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第2部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第3部の概要、予習事項、想定受講者

3部構成

平成28年度は3部構成にしました。各部は基本的に独立ですが、緩やかに連携しています。例えば…

～ 平成28年度 ～

7/19(火): PC環境の構築

第1部 7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系)
7/21(木): 統計解析(発現解析系)
7/22(金): 統計解析(発現解析系)

第2部 7/25(月): NGS解析基礎
7/26(火): ゲノムReseq、変異解析
7/27(水): RNA-seq
7/28(木): ChIP-seq

第3部 8/1(月): Linux環境でのデータ解析1
8/2(火): Linux環境でのデータ解析2
8/3(水): ウェブツール、ロングリード
8/4(木): トランスクリプトーム解析系

部間の連携例1

(あくまでも予定講義内容に基づきますが…)①でde novoアセンブリの基本的な流れや理論を軽く話し、②で実際にVelvetプログラムを軽く実行し、③で別のデータを用いてさらに詳細な解析を行う、という流れです。

～ 平成28年度 ～

7/19(火): PC環境の構築

7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系) ①

7/21(木): 統計解析(発現解析系)

7/22(金): 統計解析(発現解析系)

7/25(月): NGS解析基礎 ②

7/26(火): ゲノムReseq、変異解析

7/27(水): RNA-seq

7/28(木): ChIP-seq

8/1(月): Linux環境でのデータ解析1

8/2(火): Linux環境でのデータ解析2

8/3(水): ウェブツール、ロングリード ③

8/4(木): トランスクリプトーム解析系

部間の連携例2

(あくまでも予定講義内容に基づきますが…)①平成27年度の話の流れをくむ「カウントデータ」を用いた発現変動解析派と、②代表的な解析パイプラインに基づく「発現量(FPKM値)」を用いた解析派、そして③発現量自体を正確に推定する流れもあることを知っておくといいかもかもしれません

～ 平成27年度 ～

7/22(水): PC環境の構築
7/23(木): Linux基礎
7/24(金): シェルスクリプト

7/27(月): Perl
7/28(火): Python
7/29(水): データ解析環境R
7/30(木): データ解析環境R

8/3(月): NGS解析(基礎)
8/4(火): NGS解析(ゲノムReseq、変異解析)
8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 代表的なパイプライン)
8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 統計解析)
8/6(木): NGS解析(ChIP-seq)

8/26(水): 予備日
8/27(木): 予備日
8/28(金): 予備日

～ 平成28年度 ～

7/19(火): PC環境の構築
7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系)
7/21(木): 統計解析(発現解析系) ①
7/22(金): 統計解析(発現解析系)

7/25(月): NGS解析基礎
7/26(火): ゲノムReseq、変異解析
7/27(水): RNA-seq ②
7/28(木): ChIP-seq

8/1(月): Linux環境でのデータ解析1
8/2(火): Linux環境でのデータ解析2
8/3(水): ウェブツール、ロングリード
8/4(木): トランスクリプトーム解析系 ③

Contents

- 平成28年度ハンズオン講習会概要
- 3部構成、部間の連携
- 昨年度との重複
- 平成27 → 28年度
- 各部の概要説明
 - 第1部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第2部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第3部の概要、予習事項、想定受講者

昨年度との重複(予定)


①の内容は、②をほぼ全て含みます。③の内容(リアルカウントデータのところ:スライド46-92あたり)も一部含みます。①の1/3程度は、新規内容を含める予定。④は、全て新ネタ。

～平成27年度～

7/22(水):PC環境の構築
7/23(木):Linux基礎
7/24(金):シェルスクリプト

7/27(月):Perl

7/28(火):Python

7/29(水):データ解析環境R 

7/30(木):データ解析環境R

8/3(月):NGS解析(基礎)

8/4(火):NGS解析(ゲノムReseq、変異解析)

8/5(水):NGS解析(RNA-seq:代表的なパイプライン)

8/5(水):NGS解析(RNA-seq:統計解析) 

8/6(木):NGS解析(ChIP-seq)

8/26(水):予備日

8/27(木):予備日

8/28(金):予備日

～平成28年度～

7/19(火):PC環境の構築

7/20(水):統計解析(塩基配列解析系)

7/21(木):統計解析(発現解析系) 

 7/22(金):統計解析(発現解析系)

7/25(月):NGS解析基礎

7/26(火):ゲノムReseq、変異解析

7/27(水):RNA-seq

7/28(木):ChIP-seq

8/1(月):Linux環境でのデータ解析1

8/2(火):Linux環境でのデータ解析2

8/3(水):ウェブツール、ロングリード

8/4(木):トランスクリプトーム解析系

昨年度との重複(予定)

①は、ストーリー展開としては完全に新ネタですが、要素技術(用いる関数など)の多くは②を基本としています。

～平成27年度～

7/22(水): PC環境の構築

7/23(木): Linux基礎

7/24(金): シェルスクリプト

7/27(月): Perl

7/28(火): Python

7/29(水): データ解析環境R

7/30(木): データ解析環境R



8/3(月): NGS解析(基礎)

8/4(火): NGS解析(ゲノムReseq、変異解析)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 代表的なパイプライン)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 統計解析)

8/6(木): NGS解析(ChIP-seq)

8/26(水): 予備日

8/27(木): 予備日

8/28(金): 予備日

～平成28年度～

7/19(火): PC環境の構築

7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系)

7/21(木): 統計解析(発現解析系)

7/22(金): 統計解析(発現解析系)

7/25(月): NGS解析基礎

7/26(火): ゲノムReseq、変異解析

7/27(水): RNA-seq

7/28(木): ChIP-seq

8/1(月): Linux環境でのデータ解析1

8/2(火): Linux環境でのデータ解析2

8/3(水): ウェブツール、ロングリード

8/4(木): トランスクリプトーム解析系



昨年度との重複(予定)

①の第2部は、最も需要が多く本講習会の中核をなす部分です。②の黒字部分については、多くが同じ内容になるかもしれませんが、それらについてもほどほどの増量は予定しています。

～平成27年度～

7/22(水): PC環境の構築
7/23(木): Linux基礎
7/24(金): シェルスクリプト

7/27(月): Perl
7/28(火): Python
7/29(水): データ解析環境R
7/30(木): データ解析環境R

8/3(月): NGS解析(基礎)
8/4(火): NGS解析(ゲノムReseq、変異解析)
8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 代表的なパイプライン)
8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 統計解析)
8/6(木): NGS解析(ChIP-seq)

8/26(水): 予備日
8/27(木): 予備日
8/28(金): 予備日

～平成28年度～

7/19(火): PC環境の構築
7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系)
7/21(木): 統計解析(発現解析系)
7/22(金): 統計解析(発現解析系)

第2部

7/25(月): NGS解析基礎
7/26(火): ゲノムReseq、変異解析
7/27(水): RNA-seq
7/28(木): ChIP-seq 初～中級

8/1(月): Linux環境でのデータ解析1
8/2(火): Linux環境でのデータ解析2
8/3(水): ウェブツール、ロングリード
8/4(木): トランスクリプトーム解析系



Contents

- 平成28年度ハンズオン講習会概要
- 3部構成、部間の連携
- 昨年度との重複
- 平成27 → 28年度
- 各部の概要説明
 - 第1部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第2部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第3部の概要、予習事項、想定受講者

平成27 → 28年度

①は(ホストOSの)Windows and/or Macintosh環境での利用だったが、②の一部は、発展形として(ゲストOSの)Linux環境でのRの利用法を紹介する予定。

～ 平成27年度 ～

7/22(水): PC環境の構築
7/23(木): Linux基礎
7/24(金): シェルスクリプト

7/27(月): Perl

7/28(火): Python

7/29(水): データ解析環境R

7/30(木): データ解析環境R



8/3(月): NGS解析(基礎)

8/4(火): NGS解析(ゲノムReseq、変異解析)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 代表的なパイプライン)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 統計解析)

8/6(木): NGS解析(ChIP-seq)

8/26(水): 予備日

8/27(木): 予備日

8/28(金): 予備日

～ 平成28年度 ～

7/19(火): PC環境の構築

7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系)

7/21(木): 統計解析(発現解析系)

7/22(金): 統計解析(発現解析系)

7/25(月): NGS解析基礎

7/26(火): ゲノムReseq、変異解析

7/27(水): RNA-seq

7/28(木): ChIP-seq

8/1(月): Linux環境でのデータ解析1

8/2(火): Linux環境でのデータ解析2

8/3(水): ウェブツール、ロングリード

8/4(木): トランスクリプトーム解析系



平成27 → 28年度

～ 平成27年度 ～

7/22(水): PC環境の構築
7/23(木): Linux基礎
7/24(金): シェルスクリプト

7/27(月): Perl

7/28(火): Python

7/29(水): データ解析環境R

7/30(木): データ解析環境R

①

8/3(月): NGS解析(基礎)

8/4(火): NGS解析(ゲノムReseq、変異解析)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 代表的なパイプライン)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 統計解析)

8/6(木): NGS解析(ChIP-seq)

8/26(水): 予備日

8/27(木): 予備日

8/28(金): 予備日

①の最後のほう(スライド109以降)で、QuasRパッケージによるマッピングやトリミングの効果を大まかに議論しました。②では様々なTipsを交えながら、実際にLinux環境でQuasRによるマッピングを行ってもらいます。できれば*de novo*アセンブリも...

～ 平成28年度 ～

7/19(火): PC環境の構築

7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系)

7/21(木): 統計解析(発現解析系)

7/22(金): 統計解析(発現解析系)

7/25(月): NGS解析基礎

7/26(火): ゲノムReseq、変異解析

7/27(水): RNA-seq

7/28(木): ChIP-seq

8/1(月): Linux環境でのデータ解析1

8/2(火): Linux環境でのデータ解析2

8/3(水): ウェブツール、ロングリード

8/4(木): トランスクリプトーム解析系

②

平成27 → 28年度

①Pythonプログラムは、②の配列長フィルタリングのところで実際に使う予定です

～ 平成27年度 ～

7/22(水): PC環境の構築

7/23(木): Linux基礎

7/24(金): シェルスクリプト

7/27(月): Perl

7/28(火): Python ①

7/29(水): データ解析環境R

7/30(木): データ解析環境R

8/3(月): NGS解析(基礎)

8/4(火): NGS解析(ゲノムReseq、変異解析)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 代表的なパイプライン)

8/5(水): NGS解析(RNA-seq: 統計解析)

8/6(木): NGS解析(ChIP-seq)

8/26(水): 予備日

8/27(木): 予備日

8/28(金): 予備日

～ 平成28年度 ～

7/19(火): PC環境の構築

7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系)

7/21(木): 統計解析(発現解析系)

7/22(金): 統計解析(発現解析系)

7/25(月): NGS解析基礎

7/26(火): ゲノムReseq、変異解析

7/27(水): RNA-seq

7/28(木): ChIP-seq

8/1(月): Linux環境でのデータ解析1

8/2(火): Linux環境でのデータ解析2

8/3(水): ウェブツール、ロングリード ②

8/4(木): トランスクリプトーム解析系

Contents

- 平成28年度ハンズオン講習会概要
- 3部構成、部間の連携
- 昨年度との重複
- 平成27 → 28年度
- 各部の概要説明
 - 第1部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第2部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第3部の概要、予習事項、想定受講者

第1部の概要と予習事項

第1部の日程

- 7/20(水): 統計解析(塩基配列解析系)
- 7/21(木): 統計解析(発現解析系)
- 7/22(金): 統計解析(発現解析系)

予習事項

- (Rで)塩基配列解析で指定しているRおよび各種パッケージのインストール
- (Rで)塩基配列解析中の項目「基本的な利用法」の習熟
- 平成27年度講習会の「データ解析環境R(7月29-30日分)」の自習

(今のところ)このような感じですが。平成28年に行った「Rの基礎」や「Bioconductorの利用法」は、ほとんどないと思っておけば間違いありません。例えば、作業ディレクトリの自力変更ができないヒトの存在は想定していません。解析データは、7/19にも配布しますが、第1部の当日早めにUSBメモリでコピーするので十分間に合うと思います。Rのみで行う予定。

(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 2016/03/07, since 2011)

What's new?

- このウェブページはインストール|について の推奨手順 (Windows2015.04.04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)
- 多群間比較用の推奨ガイドライン提唱論文 (Tang et al., BMC Bioinformatics, 2015) が publish されました。論文概要|については P| のページでも紹介しています。講習会でよく述べている「サンプル間クラスタリング結果からDEG検出結果のおおよその見極めが可能である」という主張の根拠となる原著論文がこれになります。推奨ガイドライン周辺の関連項目もアップデートしました。(2015/11/05) **NEW**
- 「解析|発現変動|3群間|対応なし|複製あり|基礎|baySeq(Hardcastle 2010)」が一通り動くようになりました。(2016/03/07) **NEW**
- 2016年3月3-4日に行われるHPCI講習会・バイオインフォマティクス実習コースの受講生 (およびキャンセル待ち受講希望者) の皆様へ、実習用hogeフォルダのzip圧縮ファイル hoge.zip (約150MB; 20160222, 17:52版)をアップしました。講義資料PDF (約16MB; 2016.03.05版)もhogeフォルダ中にあります。(2016/03/05) **NEW**
- 平成27年度NGSハンズオン講習会の 報告書 が公開されているようです。(2016/02/22) **NEW**

- はじめに (last modified 2015/03/31)
- 参考資料 (講義, 講習会, 本など) (last modified 2016/02/29) **NEW**
- 過去のお知らせ (last modified 2016/03/07) **NEW**
- インストール|について (last modified 2015/11/12)
- 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

第1部の想定受講者

第1部の日程

- 7/20(水):統計解析(塩基配列解析系)
- 7/21(木):統計解析(発現解析系)
- 7/22(金):統計解析(発現解析系)

予習事項

- (Rで)塩基配列解析で指定しているRおよび各種パッケージのインストール
- (Rで)塩基配列解析中の項目「基本的な利用法」の習熟
- 平成27年度講習会の「データ解析環境R(7月29-30日分)」の自習

想定受講者は過去の受講生や一定のRスキルを持つヒト

- 平成26-27年度受講生
- 違った内容でRの話を聞きたいヒト
- *de novo*アセンブリやゲノムサイズ推定の基礎理論周辺
- 発現変動解析の詳細を知りたいヒト
- 遺伝子間クラスタリングや手法の使い分けを知りたいヒト


過去の受講生からの統計を多く学びたいという要望に応えたものです。統計の受け止め方はヒトそれぞれですが、DDBJ Pipelineで実行する各ステップの中身をRで解析して理解を深めることや、k-mer解析でゲノムサイズ推定の基本的な考え方、そして2群間や3群間比較、Rパッケージの使い分けなどをじっくり学びたいヒトを想定しています。

Contents

- 平成28年度ハンズオン講習会概要
- 3部構成、部間の連携
- 昨年度との重複
- 平成27 → 28年度
- 各部の概要説明
 - 第1部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第2部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第3部の概要、予習事項、想定受講者

第2部の概要

第2部の日程

- 7/25(月): NGS解析基礎  ①
- 7/26(火): ゲノムReseq、変異解析
- 7/27(水): RNA-seq
- 7/28(木): ChIP-seq

(昨年度に引き続き)本講習会の中核部分。今年はアメリエフ株式会社のみで行われる(昨年度は3人)ので、4日間の連携は格段に向上。例年16:00頃には終了する。今年「ほどほどの増量」を予定しているとのことです。過去の受講生から要望のあった「講習会期間の早い段階で懇親会があるとよかった」にこたえて、①7/25の夜に懇親会(アメリエフ様主催)を予定しております。

第2部の予習事項1

第2部の日程

- 7/25(月): NGS解析基礎
- 7/26(火): ゲノムReseq、変異解析
- 7/27(水): RNA-seq
- 7/28(木): ChIP-seq

予習事項(必須)

1. Bio-Linuxの導入やBio-Linux環境での作業に一通り慣れておく
2. ls, cd, pwd, lessなどの基本的なLinuxコマンドは使えるようになっておく
3. 平成27年度の「Bio-Linux 8とRのインストール状況確認(7月22日分)」のBio-Linuxに関する41項目のチェックリストをクリア
4. 日本乳酸菌学会誌連載第2回および6回のウェブ資料として提供しているovaファイルからの導入手順を予習

予習事項(ほぼ任意)

- (Rで)塩基配列解析中の「書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | について」の第4回分まで
- 平成27年度講習会の「Linux基礎(7月23日分)」の自習
- 平成27年度講習会の「NGS解析(8月3-4日分)」の自習

必須項目3は、運営側のディフェンスのために掲げています。現実には、これらを完全にマスターしていれば、あとはウェブ教材の自習のみで独り立ちできると思われます。予習内容と実際の講習会内容は多少重複があると思います。例えば、NGSデータの代表的なクオリティチェックプログラムFastQCは、第2部の講習会内でも説明があると思います。

第2部の予習事項2

第2部の日程

- 7/25(月): NGS解析基礎
- 7/26(火): ゲノムReseq、変異解析
- 7/27(水): RNA-seq
- 7/28(木): ChIP-seq

予習事項(必須)

1. Bio-Linuxの導入やBio-Linux環境での作業に一通り慣れておく
2. ls, cd, pwd, lessなどの基本的なLinuxコマンドは使えるようになっておく
3. 平成27年度の「Bio-Linux 8とRのインストール状況確認(7月22日分)」のBio-Linuxに関する41項目のチェックリストをクリア
4. 日本乳酸菌学会誌連載第2回および6回のウェブ資料として提供しているovaファイルからの導入手順を予習

予習事項(ほぼ任意)

- (Rで)塩基配列解析中の「書籍 | 日本乳酸菌学会誌 | について」の第4回分まで
- 平成27年度講習会の「Linux基礎(7月23日分)」の自習
- 平成27年度講習会の「NGS解析(8月3-4日分)」の自習

第2部では、日本乳酸菌学会誌連載第4回終了時点のovaファイルを元にして、第2部で用いるデータ(やプログラム)を追加した「第2部用のovaファイル」を導入(インポート)済みという前提でスタートします。予習必須項目4に掲げている手順を理解していれば、当日30分前からUSBメモリでノートPCにコピーするところからスタートしても、おそらく大丈夫です。不安なヒトは7/19に参加してください。

第2部の想定受講者

■ 第2部の日程

- 7/25(月): NGS解析基礎
- 7/26(火): ゲノムReseq、変異解析
- 7/27(水): RNA-seq
- 7/28(木): ChIP-seq

■ 想定受講者は、初級(～中級)レベルのヒト

- 完全初心者で、指定された予習をこなしてきたヒト
- 平成26-27年度受講生で、復習したいヒト、ほどほどの増量に期待しているヒト
- 平成27年度受講生で、昨年度は講師の山口先生以外から提供された7/27 (RNA-seq)の後半の内容と、7/28のChIP-seqの講義内容に期待しているヒト

Contents

- 平成28年度ハンズオン講習会概要
- 3部構成、部間の連携
- 昨年度との重複
- 平成27 → 28年度
- 各部の概要説明
 - 第1部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第2部の概要、予習事項、想定受講者
 - 第3部の概要、予習事項、想定受講者

第3部の概要

第3部の日程

- 8/1(月):Linux環境でのデータ解析1
- 8/2(火):Linux環境でのデータ解析2
- 8/3(水):ウェブツール、ロングリード
- 8/4(木):トランスクリプトーム解析系

過去の受講生の要望を反映させています。8/1-2、および8/3の前半は、日本乳酸菌学会誌のNGS連載第5-6回の内容が中心です。8/3の後半は、第7回の内容(の一部)になります。ロングリード(PacBio)データの特徴やデータ形式の話が中心です。第7回原稿の公開は、講習会期間前後になる予定です。8/4は、トランスクリプトームアセンブリや発現量推定の話をする予定ですが、本スライド作成時点(3/11)ではまだ目途が立っておりません。進行状況によっては、8/1の最後を8/2の最初にやるとか「後ずれ」していく可能性があることを予めご了承ください。

第3部の予習事項1

第3部の日程

- 8/1(月):Linux環境でのデータ解析1
- 8/2(火):Linux環境でのデータ解析2
- 8/3(水):ウェブツール、ロングリード
- 8/4(木):トランスクリプトーム解析系

予習事項

1. 日本乳酸菌学会誌連載第4回までの理解
2. (Rで)塩基配列解析中の項目「基本的な利用法」の習熟
3. 平成27年度講習会の「データ解析環境R(7月29-30日分)」の自習
4. 日本乳酸菌学会誌連載第6回のウェブ資料として提供しているovaファイルからの導入手順を予習

Linux環境でのRの利用法や、ウェブツール(DDBJ Pipeline)の利用など、これまでの講習内容の集大成的な位置づけになります。第5回以降の内容もざっと眺めておけば、より理解が深まると思われます。ほぼ完全に理解できたと思われるのなら、特に8/1-2辺りは出席の必要はないと思います。

第3部の予習事項2

第3部の日程

- 8/1(月):Linux環境でのデータ解析1
- 8/2(火):Linux環境でのデータ解析2
- 8/3(水):ウェブツール、ロングリード
- 8/4(木):トランスクリプトーム解析系

予習事項

1. 日本乳酸菌学会誌連載第4回までの理解
2. (Rで)塩基配列解析中の項目「基本的な利用法」の習熟
3. 平成27年度講習会の「データ解析環境R(7月29-30日分)」の自習
4. 日本乳酸菌学会誌連載第6回のウェブ資料として提供しているovaファイルからの導入手順を予習

第3部では、日本乳酸菌学会誌連載第4回終了時点のovaファイルを元にして、第3部で用いるデータ(やプログラム)を追加した「第3部用のovaファイル」を導入(インポート)済みという前提でスタートします。予習必須項目4に掲げている手順を理解していれば、当日30分前からUSBメモリでノートPCにコピーするところからスタートしても、おそらく大丈夫です。不安なヒトは7/19に参加してください。第2部終了後にovaファイル導入をやっておく、というのでもいいと思います。

初級、中級などの範囲の認識はヒトそれぞれですが、少なくとも第2部よりは難易度が高めです。

第3部の想定受講者

■ 第3部の日程

- 8/1(月):Linux環境でのデータ解析1
- 8/2(火):Linux環境でのデータ解析2
- 8/3(水):ウェブツール、ロングリード
- 8/4(木):トランスクリプトーム解析系

■ 想定受講者は、中級(～上級)レベルのヒト

- 平成27年度受講生
- 平成28年度(第1部および)第2部受講生
- 乳酸菌連載第5回以降のウェブ資料に基づく自習よりも講習会に出るほうが有意義だと思ったヒト(特に8/1-2分)