

## H28年度 NGSハンズオン講習会カリキュラム

実施日	実施時間	大項目	タイトル	内容 (予定)	担当講師 (敬称略)
7月19日 (火)	10:30-18:15	PC環境の構築	Bio-Linux8とRのインストール状況確認	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Bio-Linux8 (第2部および3部で利用するovaファイル) の導入確認</li> <li>• 共有フォルダ設定完了確認</li> <li>• 基本的なLinuxコマンドの習得状況確認</li> <li>• R本体およびパッケージのインストール確認</li> <li>• 講師指定の事前予習内容の再確認</li> <li>• 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</li> </ul>	主催・共催機関
7月20日 (水)	10:30-18:15	第1部 統計解析 (農学生命情報科学特論I)	ゲノム解析、塩基配列解析	<ul style="list-style-type: none"> <li>• NGS解析手段、ウェブツール(DDBJ Pipeline)との連携</li> <li>• k-mer解析 (k個の連続塩基に基づく各種解析) の基礎と応用</li> <li>• 塩基ごとの出現頻度解析 (k=1)、2連続塩基の出現頻度解析 (k=2)</li> <li>• 塩基配列解析を行うための基本スキルの復習や作図</li> <li>• de novoアセンブリ時のエラー補正やゲノムサイズ推定の基本的な考え方</li> </ul>	門田幸二 (東京大学)
7月21日 (木)	10:30-18:15		トランスクリプトーム解析1	<ul style="list-style-type: none"> <li>• カウントデータ取得以降の統計解析 (RNA-seq)</li> <li>• サンプル間クラスタリング、結果の解釈</li> <li>• 発現変動解析 (反復あり2群間比較)</li> <li>• 分布やモデル、実験デザイン</li> <li>• 反復なし2群間比較 (TCC, DESeq2)、および結果の解釈</li> </ul>	
7月22日 (金)	10:30-18:15		トランスクリプトーム解析2	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 反復あり3群間比較 (TCCによるANOVA的な解析)</li> <li>• デザイン行列、post-hoc test</li> <li>• 遺伝子間クラスタリング (MBCluster, Seq)</li> <li>• 反復あり3群間比較 (EBSeqやbaySeqによる発現パターン分類)</li> <li>• 反復なし3群間比較 (TCC)、および結果の解釈</li> <li>• (データの正規化、TCC正規化を組み合わせた各種解析)</li> </ul>	
7月25日 (月)	10:30-18:15	第2部 NGS解析 (初～中級)	NGS解析基礎	<ul style="list-style-type: none"> <li>• ファイル形式</li> <li>• 可視化 (IGV)</li> <li>• quality check</li> <li>• マッピング</li> <li>• アセンブル</li> </ul>	山口昌雄 (アメリカ)
7月26日 (火)	10:30-18:15		ゲノムReseq、変異解析	代表的なパイプラインについての実習: ゲノムReseq、変異解析	山口昌雄 (アメリカ)
7月27日 (水)	10:30-18:15		RNA-seq	代表的なパイプラインについての実習	山口昌雄 (アメリカ)
7月28日 (木)	10:30-18:15		ChIP-seq	代表的なパイプラインについての実習	山口昌雄 (アメリカ)
8月1日 (月)	10:30-18:15	第3部 NGS解析 (中～上級) (農学生命情報科学特論II)	Linux環境でのデータ解析: JavaやRの利用法	<ul style="list-style-type: none"> <li>• 日本乳酸菌学会誌のNGS連載第4回の復習 (特にFastQCとFaQCs)</li> <li>• 乳酸菌連載第5回 (W13-2まで)</li> <li>• paired-endファイルのアダプター除去 (FaQCs)</li> <li>• Javaプログラムの設定と実行 (Rockhopper2)</li> <li>• Linux環境でのRの利用法 (対話モードとバッチモード)</li> </ul>	門田幸二 (東京大学)
8月2日 (火)	10:30-18:15		Linux環境でのデータ解析: マッピング、トリミング、アセンブリ	<ul style="list-style-type: none"> <li>• NGS連載第5回 (残り)、第6回 (W10-6まで)</li> <li>• RパッケージQuasRを用いたRNA-seqデータのマッピング</li> <li>• 末端塩基のトリミング (Biostringsとfastx_trimmer)</li> <li>• トリミング前後のde novoアセンブルとマッピング結果の評価</li> <li>• Illumina MiSeqデータの特徴と前処理 (FastQCとFaQCs)</li> <li>• de novoゲノムアセンブリ (Velvet)</li> </ul>	
8月3日 (水)	10:30-18:15		クラウド環境との連携、 ロングリードデータの解析	<ul style="list-style-type: none"> <li>• NGS連載第6回 (残り)、ゲノムサイズ推定 (KmerGenie)</li> <li>• 配列長によるフィルタリング (Pythonプログラム実行と改変)</li> <li>• DDBJ Pipeline (VelvetとPlatanus; エアハンズオン)</li> <li>• ロングリード (PacBio) データと公共DB</li> <li>• ファイル形式 (sra, FASTQ, bax, h5)、SRA Toolkit, FastQC</li> <li>• DDBJ Pipeline (HGAP; エアハンズオン)</li> </ul>	
8月4日 (木)	10:30-18:15		トランスクリプトームアセンブリ、 発現量推定	<ul style="list-style-type: none"> <li>• de novoトランスクリプトームアセンブリ (TrinityとBridger)</li> <li>• 前処理 (アダプター除去やトリミング) との組合せによる性能比較</li> <li>• 発現量推定 (TIGAR2)</li> </ul>	