

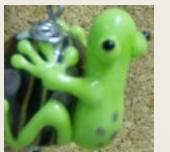
AJACSオンライン2

NGSデータ検索 (NCBI SRA, ENA, DDBJ, AOEなど)

仲里 猛留

NAKAZATO, Takeru

@chalkless



情報・システム研究機構 データサイエンス共同利用基盤施設
ライフサイエンス統合データベースセンター

Database Center for Life Science (DBCLS),
Joint Support-Center for Data Science Research, Research Organization of Information and Systems (ROIS)



2020/10/14
@オンライン

10/14

生命科学のデータベースをオンラインで



AJACS

水

<https://biosciencedbc.jp/event/ajacs/ajacs83.html>

統合データベース講習会

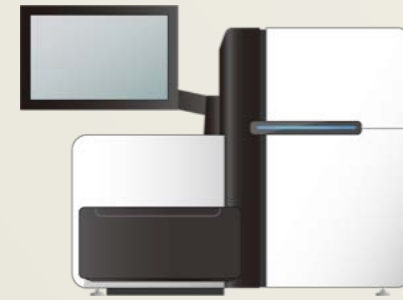
オンライン

2

NGSとは？

次世代シーケンサー（NGS）とは

- 次世代シーケンサ
- 次世代シーケンサー
- 新型シーケンサ



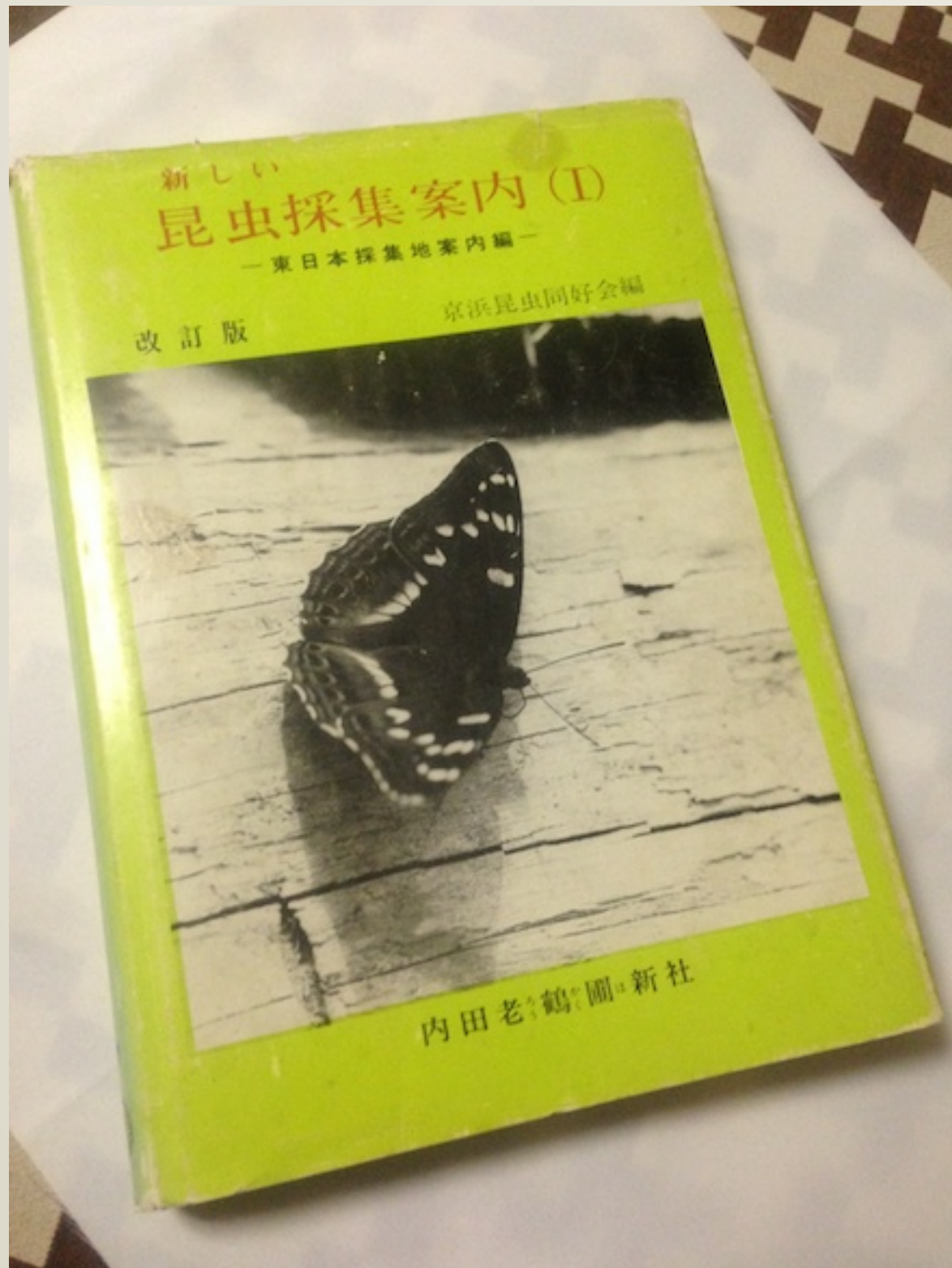
Illumina HiSeq



PacBio

- New-generation Sequencing (NGS)
- Next-generation Sequencing (NGS)
- 他にmassively parallel DNA sequencing とか…
- 最近は、
High-throughput DNA sequencing (technology)
をよく使う印象（略語はNGS）

「次世代」？ 「新型」？



ちっとも新しくない
「新しい昆虫採集案内」

昭和46年出版
昭和52年改訂

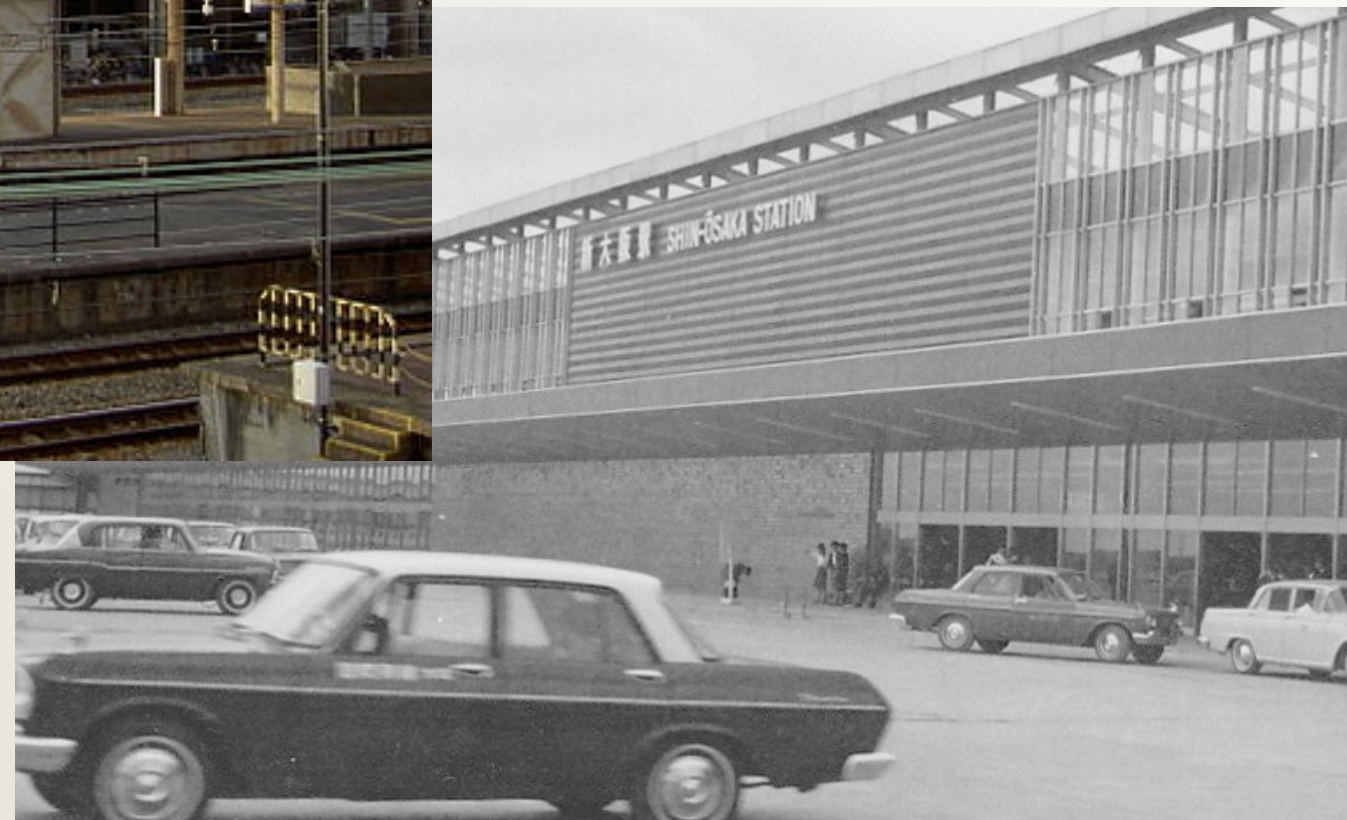
いつまでも新大阪



2007年

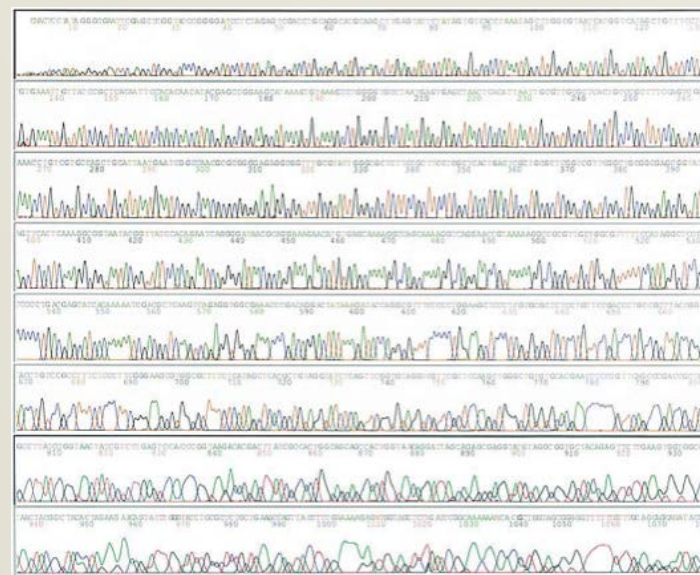
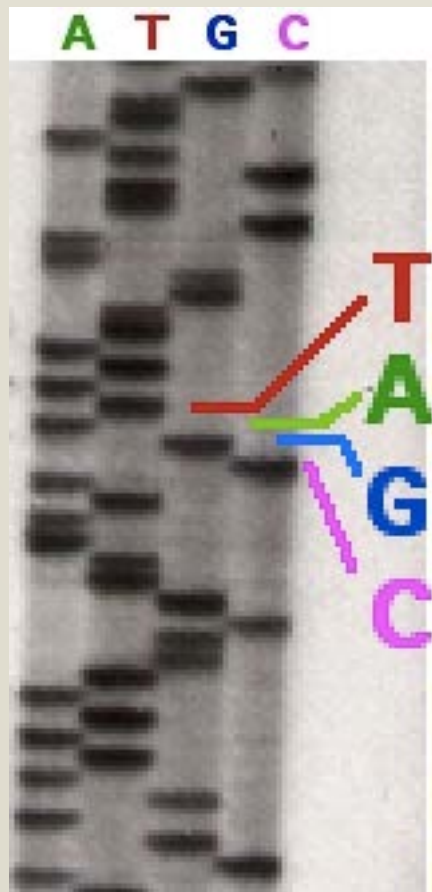
wikipedia：新大阪駅

1964年

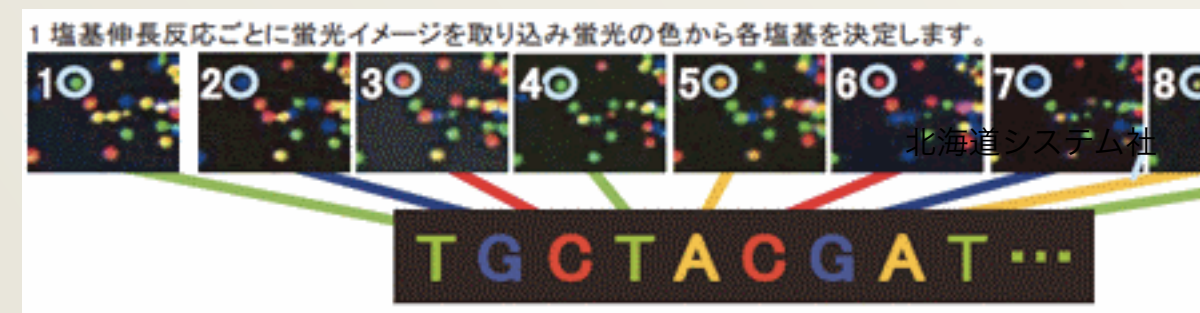


<http://centland.jp/merit/>

何が「次世代」か？



ABI社



電気泳動式

キャピラリ式

NGS

$750 \text{ (base/lane)} \times 48/4 \text{ lanes}$
 $= 9\text{kbase}$

$500 \text{ (base/lane)} \times 96 \text{ lane}$
 $= 48\text{kbase}$

$2 \times 300 \text{ (base/seq)} \times 25\text{M seq/run}$
 $= 15 \text{ Gbase}$

目的別 必要スペック

アプリケーション別に必要なリードスペック

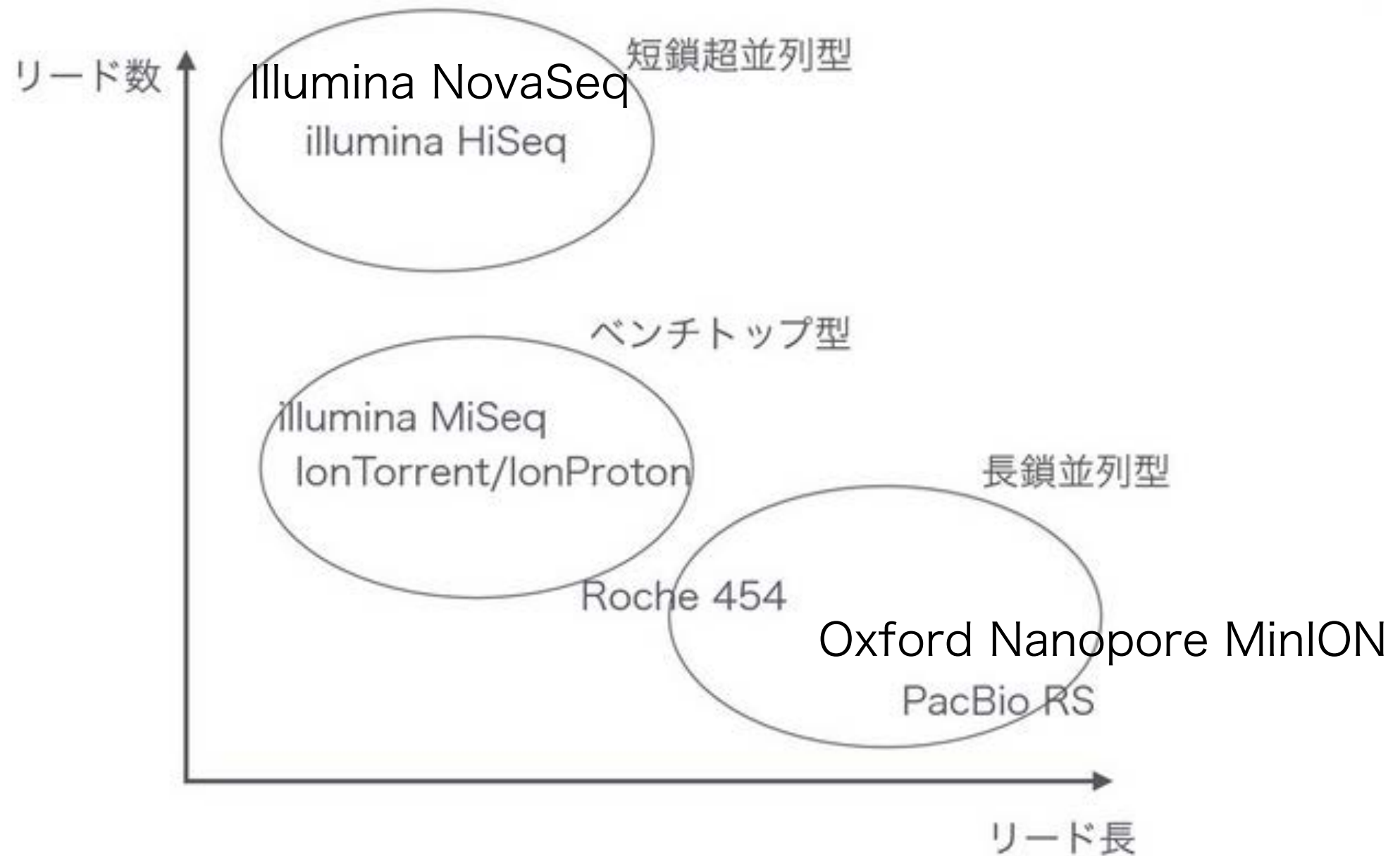
application / 実験種	total bases / 総塩基数	read length / リード長	read number (M) / リード数
ヒトゲノムリシーケンス	90-150Gb	2x100	900-1500
ターゲットリシーケンス	<1Gb	2x100	10
exome sequence	5-7Gb	2x100	70
RNA-Seq	5Gb	2x100	50
TSS-Seq	1Gb	1x50	20
small RNA	0.35Gb	1x35	>10
微生物ゲノム	>150Mb	2x100	>1.5
真核生物ゲノム	>4Gb	2x100	>40
Bisulfite-Seq	90-150Gb	2x100	900-1500
ChIP-Seq	>6Gb	1x100	60

注: 対象のゲノムサイズなどで数字が変わることがあります。また、既に情報が古くなっている可能性もあります

細胞工学別冊 次世代シーケンサー目的別アドバンスドメソッド p21より引用

目的別 機器の選択

Sequencers by Read spec (ざっくり)



NGSのデータベース

ライフ系データベース：BLASTとPubMed

PubMed

NGS - PubMed - NCBI

www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=NGS

NCBI Resources How To Sign in to NCBI

PubMed.gov

US National Library of Medicine
National Institutes of Health

PubMed : NGS

RSS Save search Adv

Show additional filters

Display Settings: Summary, 20 per page, S

See 1 article about ngs gene function
See also: ngs notochord granular surface in t

Results: 1 to 20 of 1441

☐ An In-Solution Hybridisation Method for
rich Clinical Samples for Analysis by NG
Smith M, Campino S, Gu Y, Clark TG, C
Dondorp AM, Kwiatkowski DP, Quail MA
Open Genomics J. 2012;5. doi: 10.2174/18756
PMID: 24273626 [PubMed]
[Related citations](#)

☐ Transactivating mutation of the MYOD1
rhabdomyosarcoma.
Szuhai K, de Jong D, Leung WY, Fletch
J Pathol. 2013 Nov 25. doi: 10.1002/path.4307
PMID: 24272621 [PubMed - as supplied by pu
[Related citations](#)

☐ Introduction to Statistical Methods for M
Zararsiz G, Coşgun E.
Methods Mol Biol. 2014;1107:129-55. doi: 10.
PMID: 24272435 [PubMed - in process]
[Related citations](#)

☐ High-Throughput Approaches for Micro
Dedeoğlu BG.
Methods Mol Biol. 2014;1107:91-103. doi: 10.
PMID: 24272433 [PubMed - in process]
[Related citations](#)

☐ NGSmethDB: an updated genome reso

Article types
Clinical Trial
Review
More ...

Text availability
Abstract available
Free full text available
Full text available

Publication dates
5 years
10 years
Custom range...

Species
Humans
Other Animals

Clear all

Show additional filters

NCBI Blast:Nucleotide Seq

blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi#

BLAST® Basic Local Alignment Search Tool

Home Recent Results Saved Strategies Help

My NCBI [Sign in] [Register]

NCBI/BLAST/blastx/ Formatting Results - 9EN9RPMN01R

Edit and Resubmit Save Search Strategies Formatting options Download

YouTube How to read this page Blast report description

Nucleotide Sequence (3065 letters)

RID 9EN9RPMN01R (Expires on 11-29 21:37 pm)

Query ID Id|171467
Description None
Molecule type nucleic acid
Query Length 3065

Database Name refseq_protein
Description NCBI Protein Reference Sequences
Program BLASTX 2.2.28+ Citation

Other reports: Search Summary Taxonomy reports

Graphic Summary

Show Conserved Domains

Putative conserved domains have been detected, click on the image below for detailed results.

RF +1

Specific hits Sulfate_tra Sulfate_transp STAS_sw

Superfamilies Sulfate_tra Sulfate_transp superfamily STAS supe

Multi-domains

Distribution of 112 Blast Hits on the Query Sequence

Mouse-over to show define and scores, click to show alignments

Color key for alignment scores

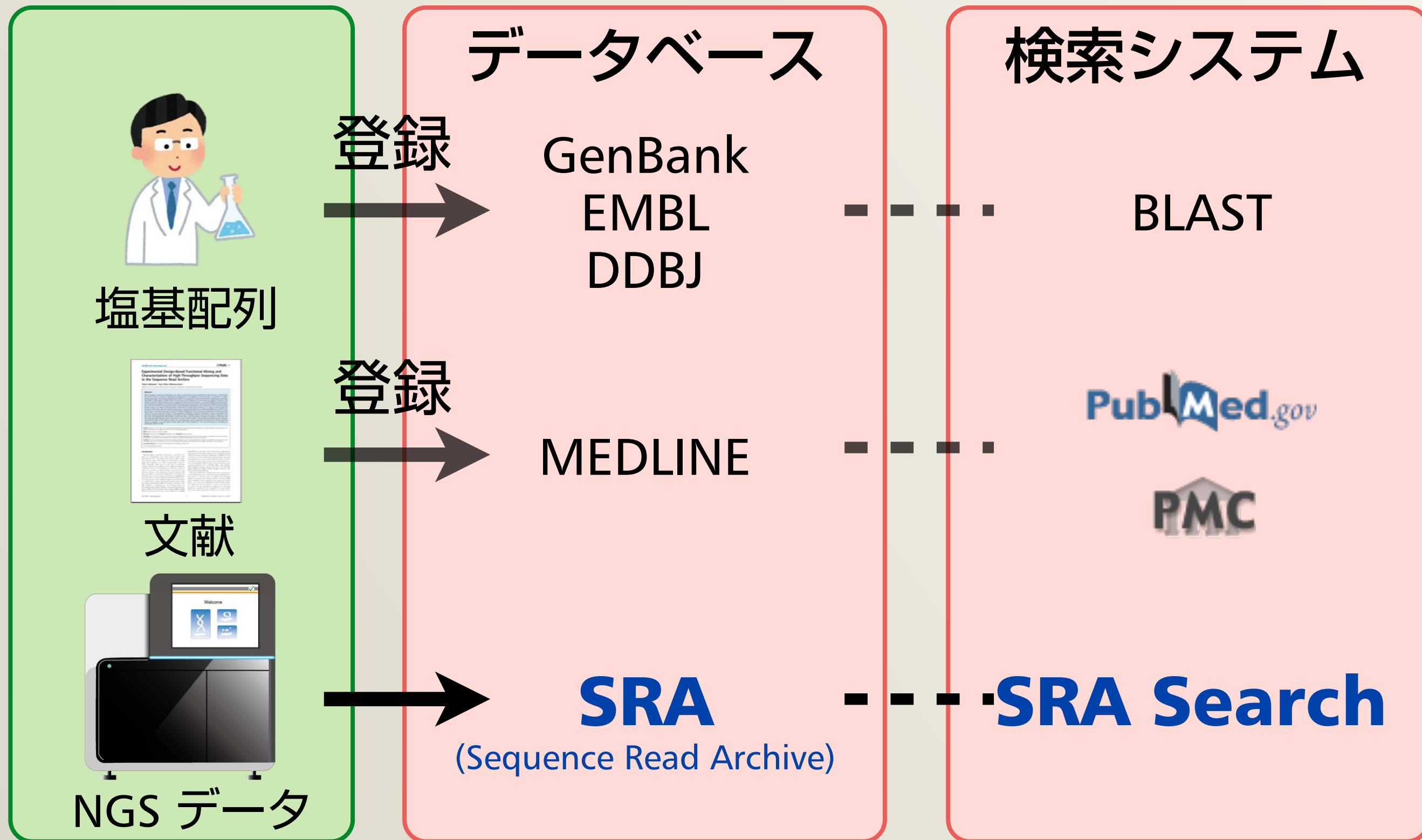
Query

1 600 1200 1800 2400 3000

<40 40-50 50-80 80-200 >=200

BLAST

研究データと公共データベース



Result List - DRA Search

trace.ddbj.nig.ac.jp/DRAsearch/query?keyword=SNP&show=20

DRASearch

Send Feedback

Search Home

DRA Home

Accession :

Organism :

CenterName :

Keyword : SNP

StudyType :

Platform :

Show 20 records

Search

Clear

Search Results (2748 records)

<< < 1 / 88 Page > >>

Filtered by

document type:run(1210) study(256) experiment(172) submission(70) sample(39) analysis(1)

organism:Homo sapiens(1208) Ovis aries(74) Anguilla anguilla(66) Mus musculus(29) Oncorhynchus mykiss(9)

Oryza sativa Japonica Group(6)

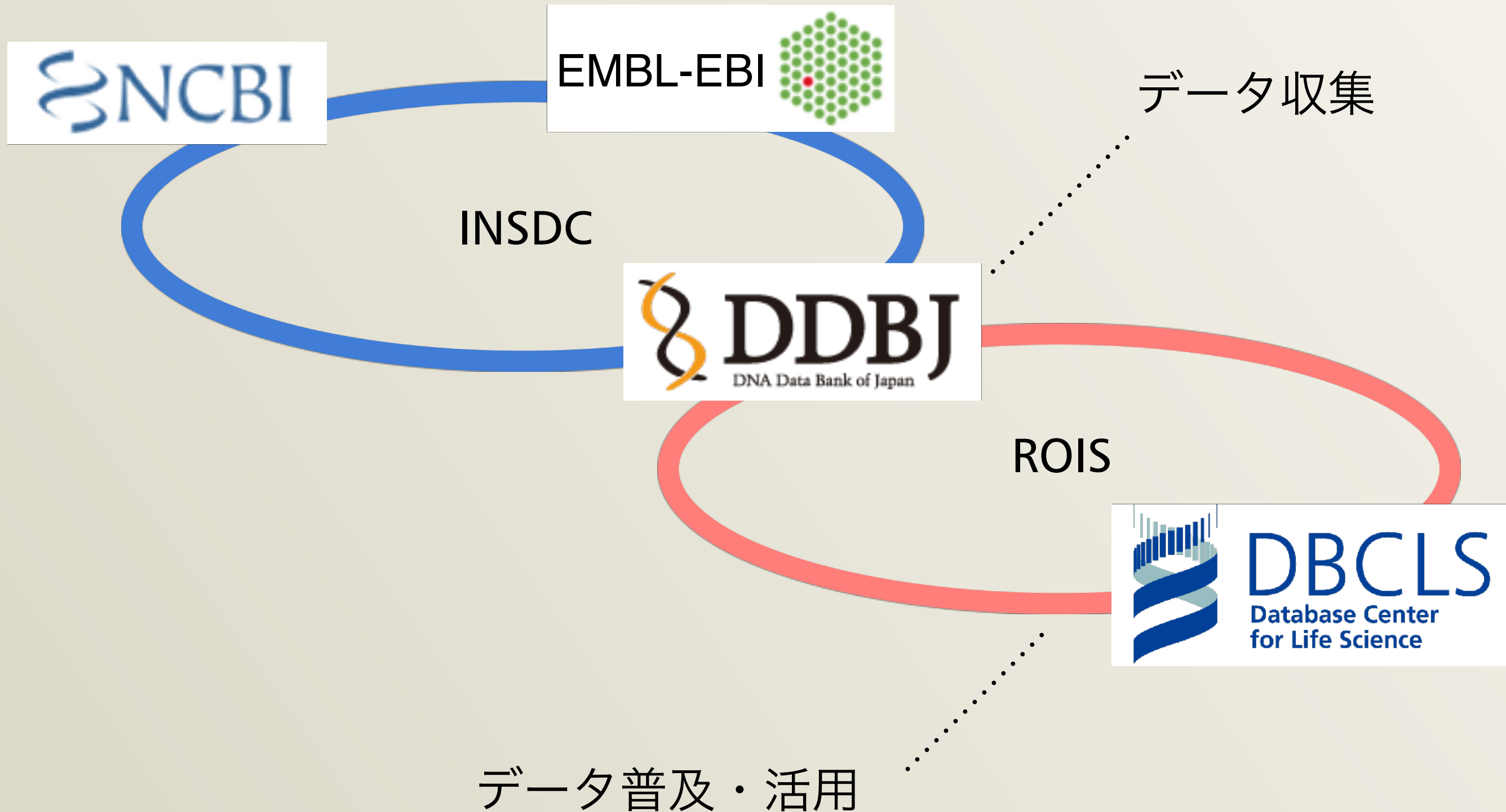
#	META_FILE	STUDY	EXPERIMENT	ANALYSIS	ORGANISM	SIZE	CENTER NAME
1	ERA007211.submission.xml <?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?> <SUBMISSION accession="ERA007211" alias="UU-SNP_1"	ERA007211	ERP000177 GEUVADIS_RNASEQ_FIVE_INDIVIDUAL_PILOT	Transcriptome Analysis	Enterobacteria phage phiX174 sensu lato Homo sapiens	124.1G	UNIGE
2	ERA007211.run.xml .org/2001/XMLSchema-instance"> <RUN alias="618MTAAXX_3" center_name="UU-SNP" run_center="UU-SNP" accession="ERR011434"	ERR011434 ERR011435 ERR011436 ERR011437 ERR011438 ERR011439	ERP000177 GEUVADIS_RNASEQ_FIVE_INDIVIDUAL_PILOT	Transcriptome Analysis	Enterobacteria phage phiX174 sensu lato Homo sapiens	124.1G	UNIGE
3	SRA114122.submission.xml <?xml version="1.0" encoding="UTF-8"?> <SUBMISSION alias="Lus SNP discovery" submission	SRA114122	SRP033323 Lus usitatissimum Genome sequencing	Whole Genome Sequencing	usitatissimum	24G	BioProject
4	SRA024708.study.xml .org/2001/XMLSchema-instance"> <STUDY alias="RNA-seq for SNP" center_name="ouc" accession="SRP003814"> <DESCRIPTOR> <STUDY	SRP003814					
	SRA072630.submission.xml <?xml version="1.0"						

SRA:

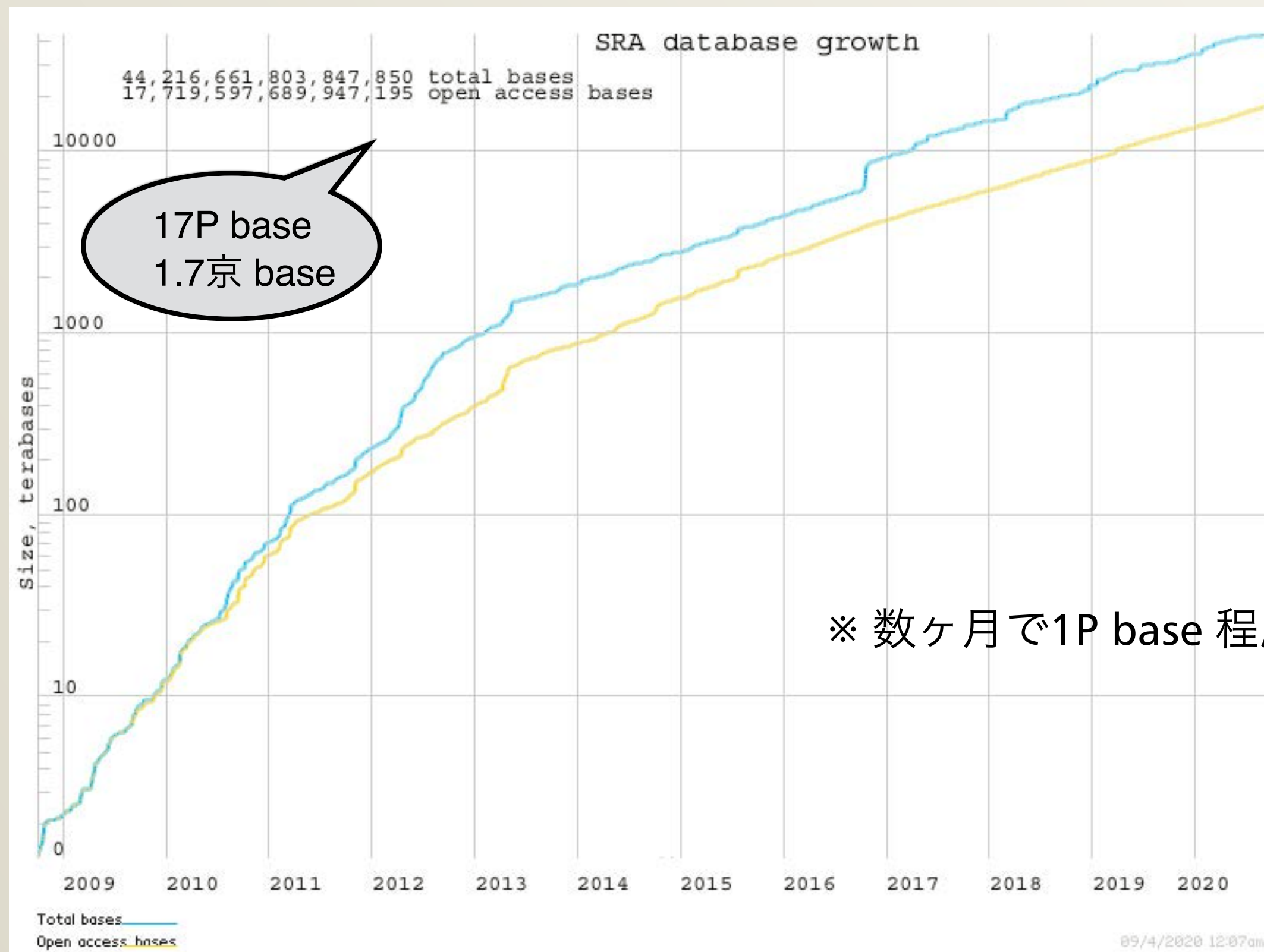
Sequence Read Archive

ちなみに、昔は Short Read Archive

研究データと公共データベース



登録されたNGSデータの伸び



JGA (Japanese Genotype-Phenotype Archive)

Controlled-access データのアーカイブ

Japanese Genotype-phenotype Archive

Home Studies Submission

概要

Japanese Genotype-phenotype Archive (JGA) は個人を特定される可能性のある遺伝学的なデータと表現型情報を保存し、提供しています。データが収集された個人との間の同意に基づく協定により、JGA のデータ利用は特定の研究目的に制限されています。JGA は厳格なプロトコルに従い、情報を管理、格納、提供しています。登録処理が終わった全てのデータは暗号化されます。JGA チームには[こちらから連絡](#)することができます。

なお、JGA に登録されるデータおよびデータの利用についての審査は独立行政法人科学技術振興機構 (JST)/バイオサイエンスデータベースセンター (NBDC) が実施しています。JGA は科学技術振興機構 National Bioscience Database Center (NBDC) と共同で運営されています。

データの利用

JGA はデータを格納する際にそのデータに適用される利用制限ポリシーを登録しますが、利用者のデータ利用の可否については JST/NBDC が審査します。利用者は NBDC にデータの利用を申請し、JGA は NBDC からの利用承認連絡を受け、利用者にデータへの安全なアクセスを提供します。

データの登録

JGA は JST/NBDC で承認された匿名化されたデータだけを受け付けています (ヒトを対象とした研究データの登録について)。登録者は JST/NBDC に JGA へのデータ提供を申請し、NBDC からデータ提供の承認連絡を受けた登録者は JGA に[連絡](#)します。JGA チーム

データ登録/利用を申請

[NBDC](#) National Bioscience Database Center

登録などはJST NBDCに

← → ↺

humandbs.biosciencedbc.jp

🔍 ☆

📄 0101 0011

🌐

🚨

🌍

⋮

NBDC National Bioscience Database Center

NBDCヒトデータベース

English

🔍 サイト内検索

検索

ホーム

データの利用

データの提供

ガイドライン

機関外サーバ

NBDCヒトデータ審査委員会

成果発表

お問い合わせ

FAQ

NBDCヒトデータベースについて

ヒトに関するデータは、次世代シーケンサーをはじめとした解析技術の発達に伴って膨大な量が産生されつつあり、それらを整理・格納して、生命科学の進展のために有効に活用するためのルールや仕組みが必要です。

国立研究開発法人科学技術振興機構(JST)バイオサイエンスデータベースセンター(NBDC)では、個人情報の保護に配慮しつつヒトに関するデータの共有や利用を推進するために、ヒトに関する様々なデータを共有するためのプラットフォーム『NBDCヒトデータベース』を設立するとともに、国立遺伝学研究所 DNA Data Bank of Japan (DDBJ) と協力して、ヒトに関するデータを公開しています。

本Webサイトを通じて、ヒトに関するデータの利用及びヒトに関するデータの提供を行なうことができます。

なお、本データベースの目的・意義、扱うデータの種類、データ利用者の範囲、責任者についてはこちらをご覧ください。

新着情報

2019/11/19

がん研有明病院 からの制限公開データ (Type I) を公開しました (hum0140)

2019/11/18

制限公開データ1件が追加されました (hum0096.v2)

▶ ニュース一覧へ

Search NBDC Human Database Beacon for Alternative Alleles [API help]

NBDC Human Database Beacon is a member of GA4GH Beacon Network.

GRCh37 e.g. 12:112241766 A Search Example: ALDH2 Variant (GRCh37, '12:112241766 A')

利用可能な研究データ一覧

データ利用方法はこちらをご覧ください。

全 119 件 Copy CSV Excel

一覧内検索:

Research ID	研究題目	公開日	データの種類	研究方法	手法	参加者 (対象集団)	提供者	アクセス制限
hum0197.v1 JGAS00000000205	多層的オミクス解析による疾患病態の解明	v1:2019/11/15	メタゲノム	メタゲノム	Illumina (HiSeq 3000)	95名 (日本人)	岡田 随象	制限 (Type I)

SRAの検索

NCBIのインターフェース

ncRNA expression, including si x

保護された通信 [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/ERX005900\[accn\]](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/ERX005900[accn])

ERX005900: ncRNA expression, including snoRNAs, across 11 tissues using polyA-neutral amplification
1 ILLUMINA (Illumina Genome Analyzer II) run: 31.8M spots, 1.1G bases, 1Gb downloads

Design: ncRNA expression, including snoRNAs, across 11 tissues using polyA-neutral amplification

Submitted by: TRON

Study: ncRNA expression, including snoRNAs, across 11 tissues using polyA-neutral amplification
[PRJEB2202](#) • [ERP000257](#) • [All experiments](#) • [All runs](#)

Sample: Protocols: We purchased total RNA from Ambion (Austin, USA). Each tissue samples was pooled from multiple donors. Librarys were prepared as in Armour CD, Castle JC, Chen R, Babak T, Loerch P, et al. (2009) Digital transcriptome profiling using selective hexamer priming for cDNA synthesis. Nat Methods 6: 647-649.
[SAMEA733155](#) • [ERS012459](#) • [All experiments](#) • [All runs](#)
Organism: [Homo sapiens](#)

Library:
Name: adipose_RNA
Instrument: Illumina Genome Analyzer II
Strategy: OTHER
Source: GENOMIC
Selection: RANDOM
Layout: SINGLE
Construction protocol: We purchased total RNA from Ambion (Austin, USA). Each tissue samples was pooled from multiple donors. Librarys were prepared as in Armour CD, Castle JC, Chen R, Babak T, Loerch P, et al. (2009) Digital transcriptome profiling using selective hexamer priming for cDNA synthesis. Nat Methods 6: 647-649.

Spot descriptor:

1 forward

Experiment attributes:
Experimental Factor: **ORGANISMPART:** adipose

Runs: 1 run, 31.8M spots, 1.1G bases, [1Gb](#)

Run	# of Spots	# of Bases	Size	Published
ERR015534	31,807,065	1.1G	1Gb	2011-03-18

ID: 31970

BioProject

BioSample

Taxonomy

Recent activity

ERP000257 (11) SRA

Uberon, an integrative multi-species anatomy ontology

Tumour resistance in induced pluripotent stem cells derived from naked mole-rats

Tumour resistance in induced pluripotent stem cells derived from naked mole-rats PubMed

bono hidemasa (47) PubMed

See more...

EBIのインターフェース

www.ebi.ac.uk/ena/data/view/ PRJEB2202

ncRNA expression, including snoRNAs, across 11 tissues using polyA-neutral amplification

Navigation Read Files Portal Attributes

Bulk Download Files ⚠ (Please use Firefox to launch the bulk downloader app.)

Download: 1 - 11 of 11 results in TEXT

Select columns

Showing results 1 - 10 of 11 results

Study accession	Sample accession	Secondary sample accession	Experiment accession	Run accession	Tax ID	Scientific name	Instrument model	Library layout	Fastq files (ftp)	Fastq files (galaxy)	Submitted files (ftp)	Submitted files (galaxy)	NCBI SRA file (ftp)	NCBI SRA file (galaxy)	CRAM Index files (ftp)	CRAM Index files (galaxy)
PRJEB2202	SAMEA733155	ERS012459	ERX005900	ERR015534	9606	Homo sapiens	Illumina Genome Analyzer II	SINGLE			File 1	File 1				
PRJEB2202	SAMEA733146	ERS012465	ERX005906	ERR015535	9606	Homo sapiens	Illumina Genome Analyzer II	SINGLE			File 1	File 1				
PRJEB2202	SAMEA733149	ERS012460	ERX005901	ERR015536	9606	Homo sapiens	Illumina Genome Analyzer II	SINGLE			File 1	File 1				
PRJEB2202	SAMEA733145	ERS012464	ERX005905	ERR015537	9606	Homo sapiens	Illumina Genome Analyzer II	SINGLE			File 1	File 1				

DDBJのインターフェース

Result List - DRA Search

ERP000257 - DRA Search

trace.ddbj.nig.ac.jp/DRASearch/study?acc=ERP000257

DRASearch

Send Feedback

Search Home

DRA Home

ERP000257

Study Detail

Title	ncRNA expression, including snoRNAs, across 11 tissues using polyA-neutral amplification
Study Type	Transcriptome Analysis
Abstract	
Description	ncRNA expression, including snoRNAs, across 11 tissues using polyA-neutral amplification
Center Name	TRON

SRA Links

Url Link	E-MTAB-305 in ArrayExpress
----------	--

Navigation

Submission	ERA010380	FTP
Experiment	ERX005900	FASTQ SRA
	ERX005901	FASTQ SRA
	ERX005902	FASTQ SRA
	ERX005903	FASTQ SRA
	ERX005904	FASTQ SRA
	ERX005905	FASTQ SRA
	ERX005906	FASTQ SRA
	ERX005907	FASTQ SRA
	ERX005908	FASTQ SRA
	ERX005909	FASTQ SRA
	ERX005910	FASTQ SRA
Sample	ERS012459	
	ERS012460	
	ERS012461	
	ERS012462	
	ERS012463	
	ERS012464	
	ERS012465	
	ERS012466	
	ERS012467	
	ERS012468	
	ERS012469	

DBCLS SRA 公共NGSデータの検索サイト

← → ↻ ⓘ 保護されていない通信 | sra.dbcls.jp ☆ 14 0101 0011 G W

DBCLS Research Services Contact About
DRA Home DDBJ flat file search

DDBJ Search > sra ✓ SRA BioProject BioSample

Keyword :
Accession :
Advanced search

Show 20 records Sort by ACCESSION Search Clear

Data Last Update 2018-11-15

Organism Name

Homo sapiens	Populus trichocarpa
Mus musculus	marine metagenome
Panicum virgatum	Zea mays
soil metagenome	Rattus norvegicus
Arabidopsis thaliana	Saccharomyces cerevisiae

39219
26402
4769
4493
4179
3775
3193
2900
2845
2562

Project Datatype

Transcriptome or Gene expression	metagenome
Genome sequencing and assembly	Other
genome sequencing	RefSeq Genome
transcriptome	Genome sequencing
raw sequence reads	Epigenomics

78048
47205
28631
26935
21095
20268
20127
12598
12012
9206

DBCLS SRA – 詳細表示

DDBJ Search

DDBJ Search

sra.dbcls.jp/details.html?db=sra&accession=DRP001175

DRA HomeDDBJ flat file search

DDBJ Search > SRA

✓ SRA BioProject BioSample

Keyword :

Accession :

Advanced search

Show 20 records Sort by ACCESSION

Search

Clear

Details for DRP001175

JSON

Study

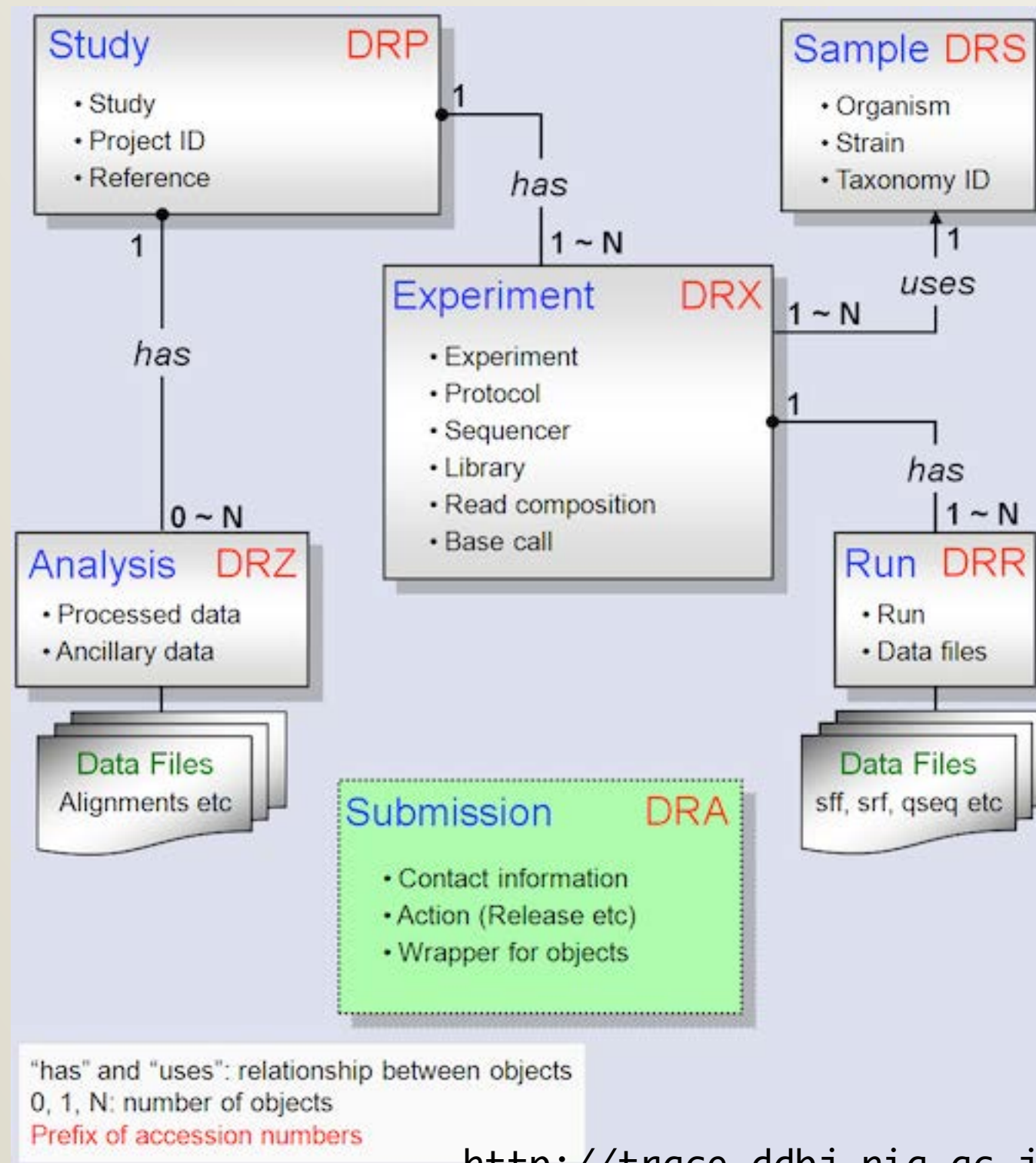
DRP001175	
Study Title	RNA Sequencing to improve annotation and detect expression changes during anhydrobiosis
Study Type	Other
Center Name	BioProject
Center Project Name	Ramazzottius varieornatus
XREF ID	27649274

Related entries

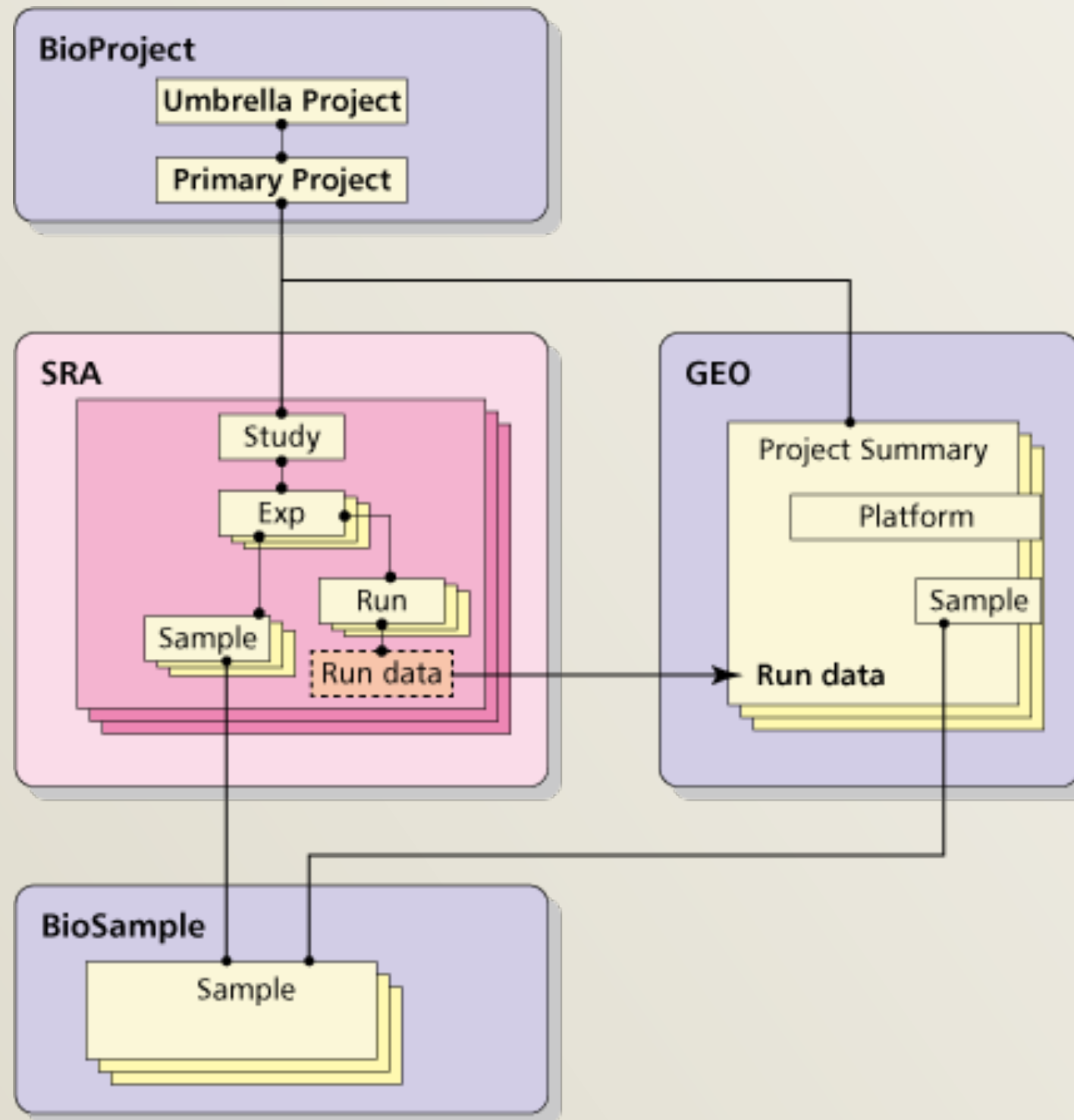
BioProject: PRJDB2359

Title	RNA Sequencing to improve annotation and detect expression changes during anhydrobiosis
Description	RNA Sequencing to improve annotation and detect expression changes during anhydrobiosis
Organism name	Ramazzottius varieornatus
Tax id	947166
Archive	DDBJ
Organization name	Center for Genetic Resource Information, Comparative Genomics Laboratory, National Institute of Genetics, Research Organization of Information and Systems
Submitted	2013-08-16T00:00:00Z

データ構造（概略版）



データ構造（詳細版）



SRAの検索は意外とツライ

目的が多種多様

ゲノム、発現解析、エピゲ、メタゲ、...

対象生物種も多種多様

ヒト、マウス、メタゲノム、微生物、...

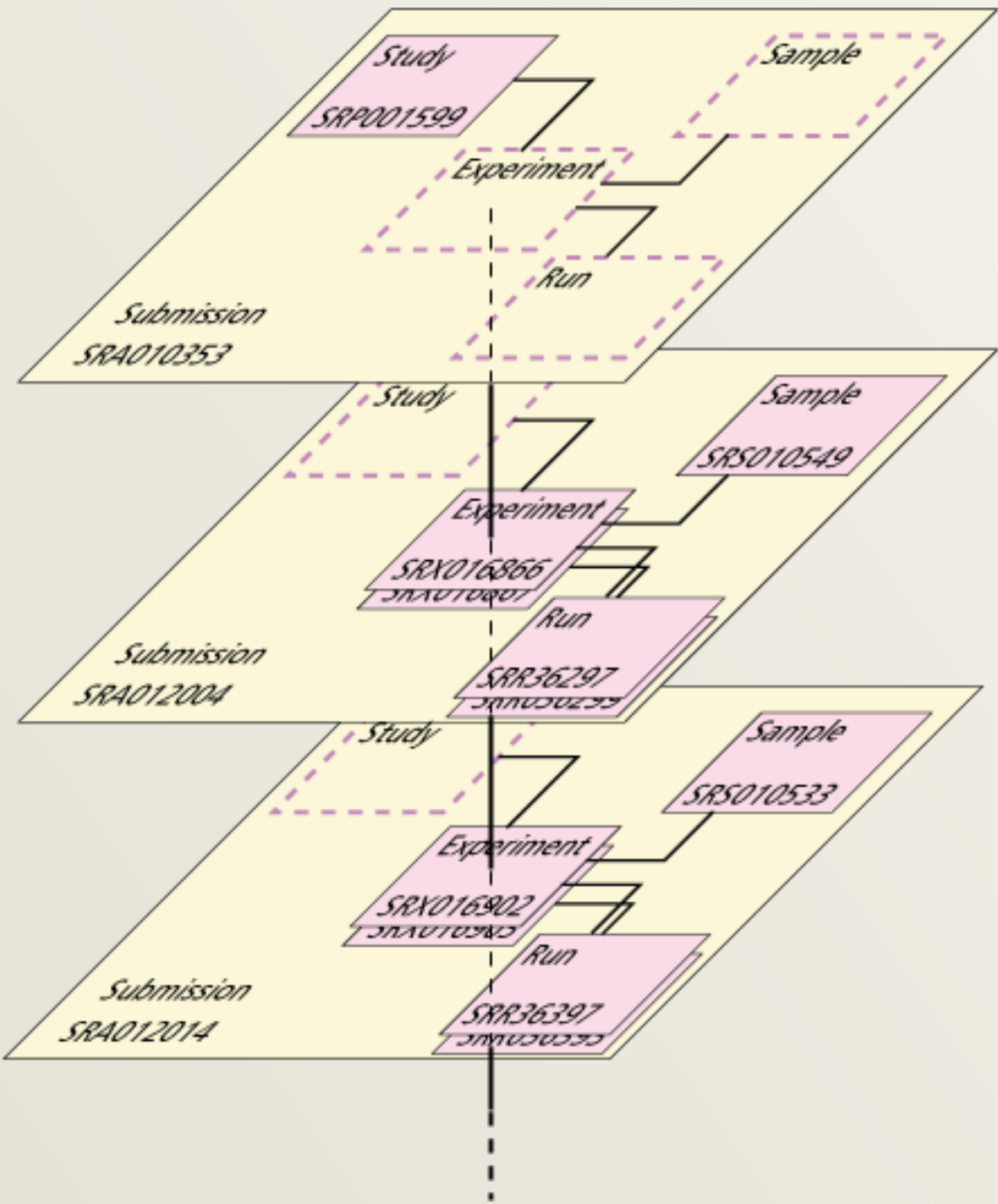
データベースの構造

study：プロジェクト情報

experiment：個々の実験情報

すべてのメタデータが1つの登録に入っているわけではない

Submission	Study	Experiment	Run	Sample	Analysis
✓				✓	55452
✓			✓		22025
✓	✓	✓	✓	✓	11228
✓		✓	✓		6066
✓		✓			2915
✓		✓	✓	✓	2608
✓	✓				2430
✓					927
✓	✓	✓	✓		116
✓	✓	✓		✓	107
✓					✓ 95
✓	✓	✓	✓	✓	✓ 85
✓	✓			✓	58
✓			✓	✓	48
✓	✓		✓	✓	40
		⋮			
Total (submissions)					104256



ワインが飲みたい

どれにする？



どうしようかなあ...

名前	Soleil Hikumo Rouge
タイプ	赤
ワイナリー	旭洋酒
生産地	山梨
ブドウ品種	ピノノワール+ベイリーA
製造年	2012年

→ メタデータによる選択

赤で重くないやつ

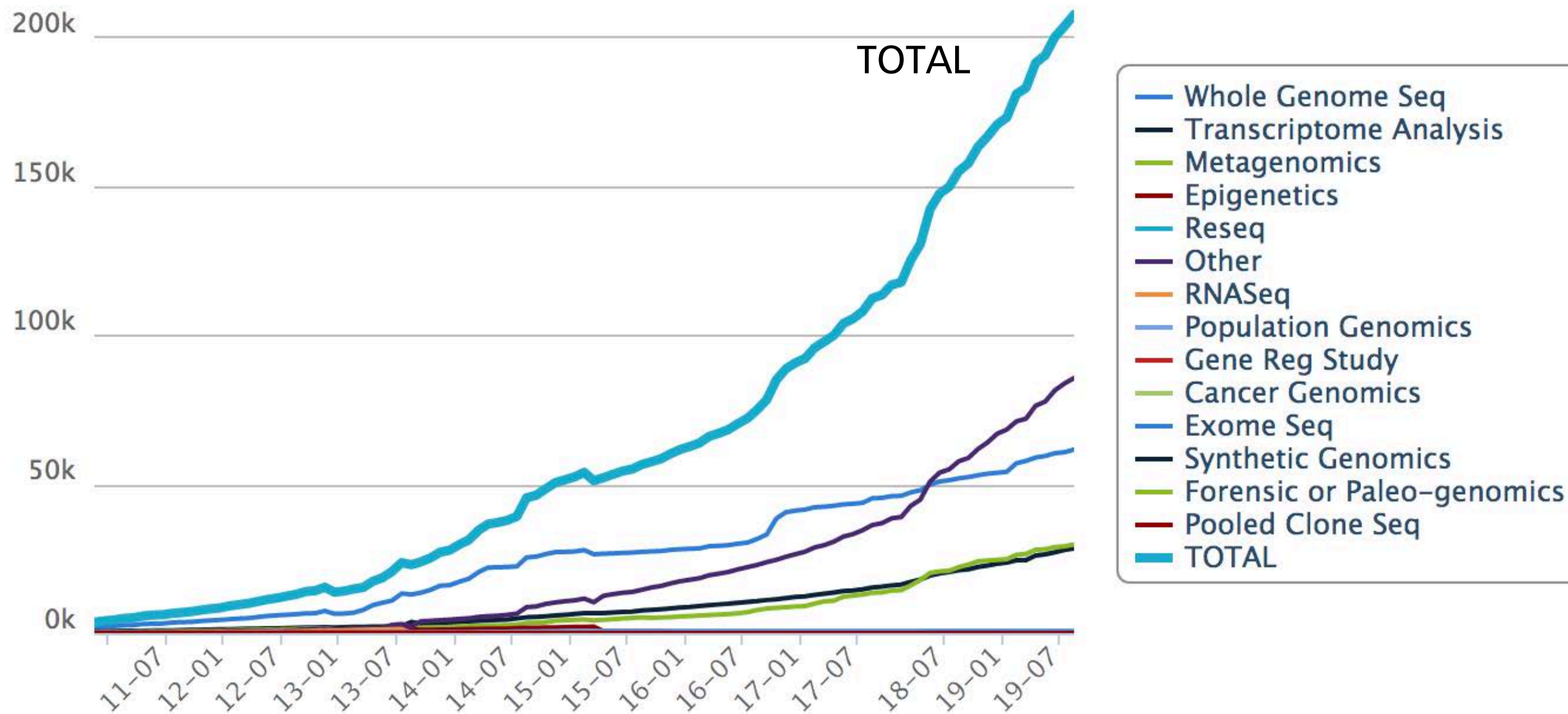
→ 中身のクオリティによる足切り



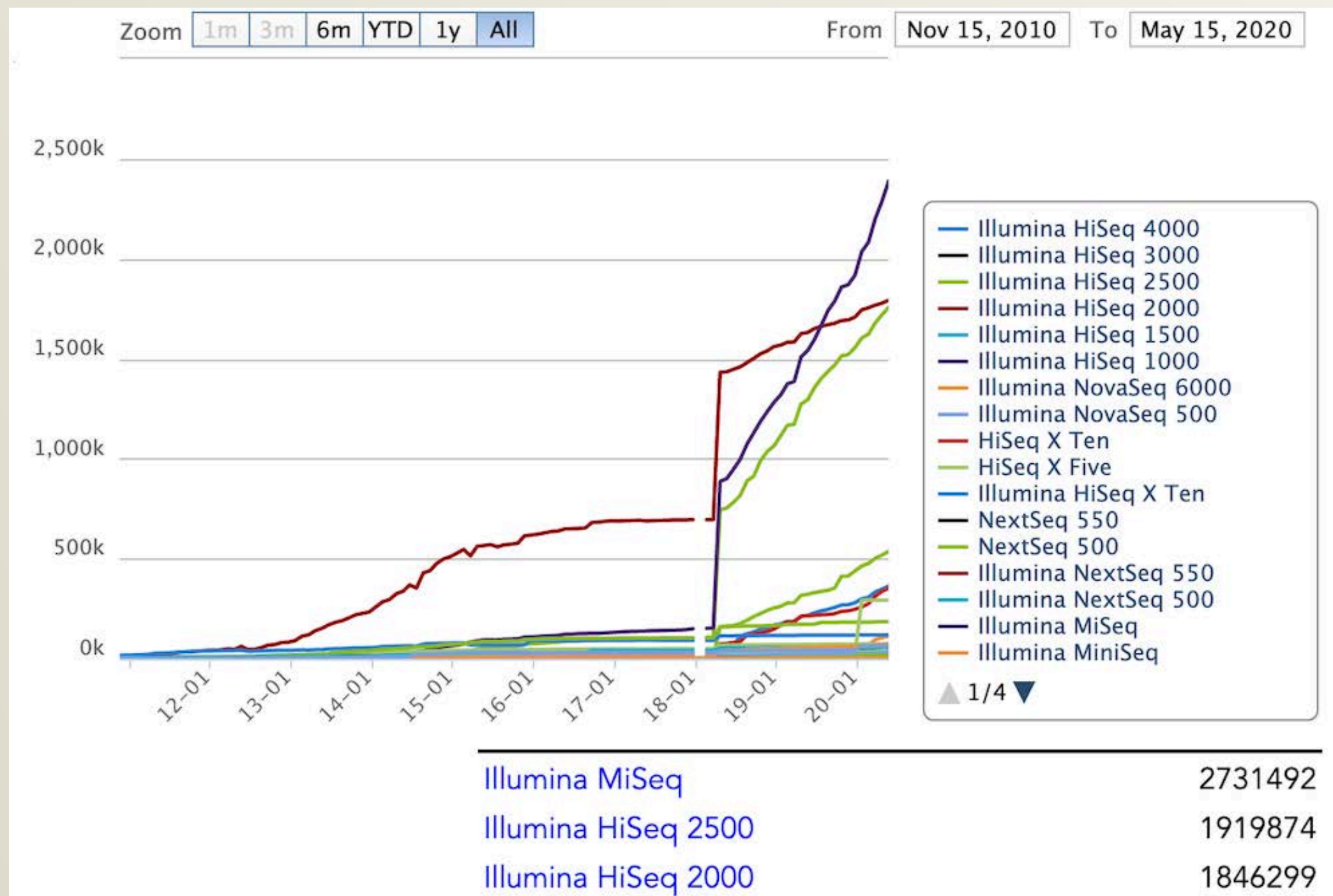
データ数の推移 – 目的別

Zoom 1m 3m 6m YTD 1y All

From Nov 15, 2010 To Aug 15, 2019



データ数の推移 – 機器別



論文からの検索

Species:		Study Type:		Platform:		search			
First Previous Next Last		Page: 1 Go		Rows:					
pmid	article_title	journal	vol	issue	page	date	sra_id_orig	sra_id	sra_title
26578681	Dual RNA-seq of Nontypeable Haemophilus influenzae and Host Cell Transcriptomes Reveals Novel Insights into Host-Pathogen Cross Talk	mBio	6	6	-	2015	SRA216498	SRA216498	Dual RNA-sequencing of nontypeable Haemophilus influenzae and host cell transcriptomes reveals new aspects of host-pathogen interface
26575290	Pervasive transcription read-through promotes aberrant expression of oncogenes and RNA chimeras in renal carcinoma	eLife	4	-	-	2015-Nov-17	SRA220947	SRA220947	Pervasive transcription read-through promotes aberrant expression of oncogenes and RNA chimeras in renal carcinoma
26573221	A comprehensive joint analysis of the long and short RNA transcriptomes of human erythrocytes	BMC genomics	16	1	952	2015	SRA205374	SRA205374	Short and Long RNA sequencing of human mature erythrocytes
26571212		Nature cell biology	-	-	-	2015-Nov-16	SRA180725	SRA180725	
26560027	neuroblastoma mediated by a LMO1 super-enhancer polymorphism	Nature	-	-	-	2015-Nov-11	SRA236526	SRA236526	Genetic predisposition to neuroblastoma mediated by a single nucleotide polymorphism within a LMO1 oncogene super-enhancer element

Publication info

data info
(SRA)

NGSデータを使って論文を出したら

Kikuchi *et al. BMC Genomics* (2017) 18:83

他の研究者のデータでも
明記してリスペクトを！

This work was also supported by the NIG Collaborative Research Program (2014-A171 and 2015-A155).

Availability of data and materials

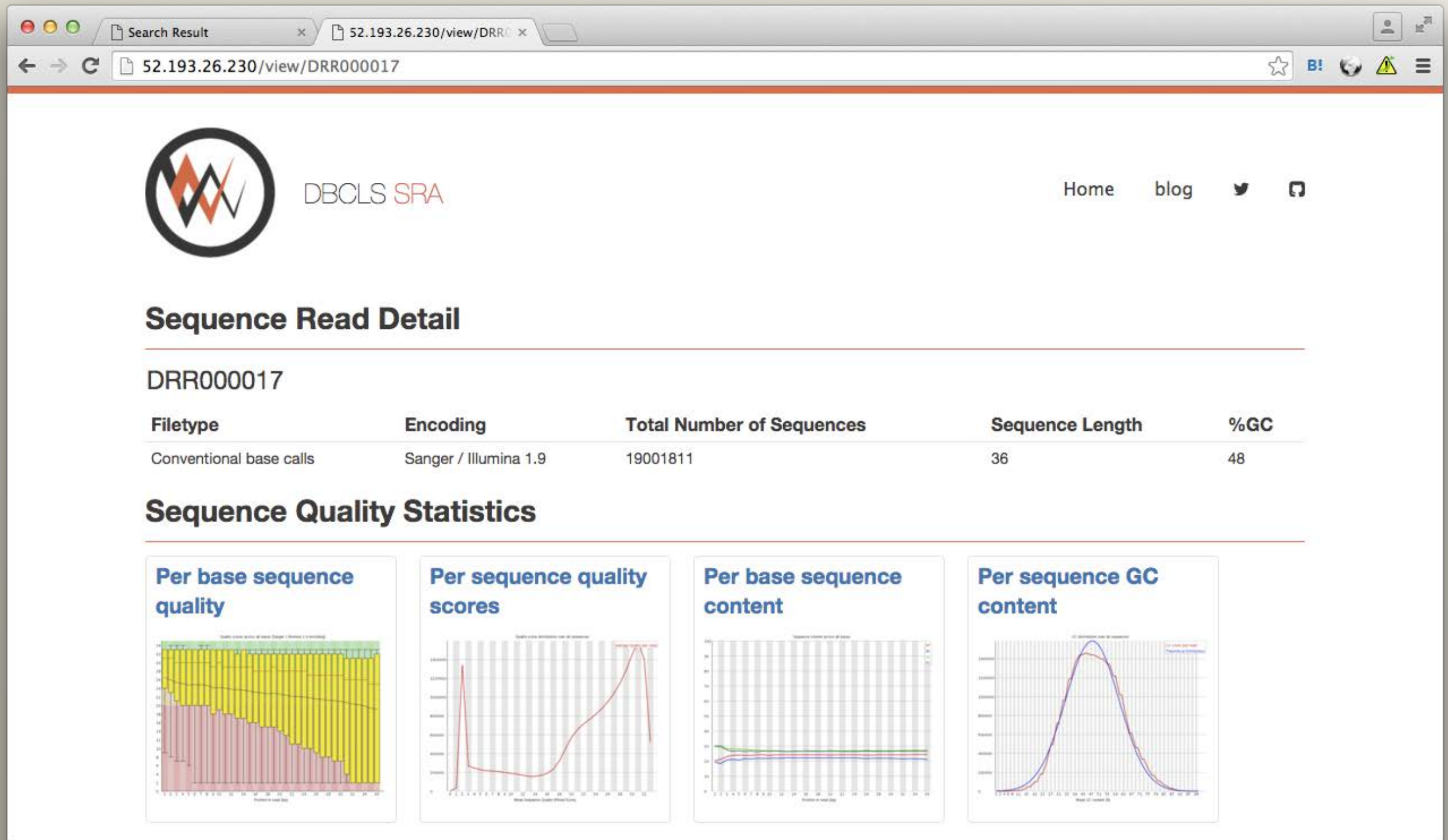
The nucleotide sequences for BmEno1, BmEno2, and BmEnoC were submitted to DDBJ/ENA/GenBank (Accession Nos. LC170036, LC170037, and LC170038, respectively). The RNA-seq reads supporting the conclusions of this article are available in the Sequence Read Archive (SRA) with accession ID DRA005094, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/>.

Authors' contributions

Conceived and designed the experiments: AK and HT Performed the experiments: AK, YN, Kal, and AT Contributed reagents/materials/analysis tools: KIL, UD, TY, AF, and DS Analyzed the data: AK, TM, UD, and HT

10. Tomita K, Nal recom 2003;2
11. Wang High-e for silk
12. Xia Q, Zhang in mu Biol. 2
13. Brewen enola 2000;

QC result



疾患からの検索

Disease Type:

Total: 171 << first < prev 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 next > last >> 10

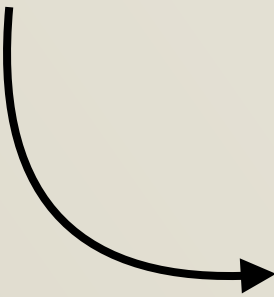
Disease	疾患名	# of submission
Genetic Predisposition to Disease	遺伝的素因(疾患)	9
Breast Neoplasms	乳房腫瘍	1
Disease Progression	病勢悪化	
Obesity	肥満	
Malaria	マラリア	
Chromosome Aberrations	染色体異常	
HIV Infections	HIV感染症	
Chromosome Breakage	染色体切断	
Polyploidy	多倍数性	
Disease Models, Animal	疾患モデル(動物)	

Total: 171 << first < prev 1 2 3 4 5 6 7

Total: 6 << first < prev 1 next > last >> 10

SRA ID	SRA Title	Disease	疾患名	PMID
SRA026055	DNA sequencing of a cytogenetically normal acute myeloid leukaemia genome	Leukemia, Myeloid, Acute	白血病-急性骨髄性	18987736
SRA026055	DNA sequencing of a cytogenetically normal acute myeloid leukaemia genome	Leukemia, Myeloid, Acute	白血病-急性骨髄性	19657110
SRA026055	Recurring Mutations Found by Sequencing an Acute Myeloid Leukemia Genome	Leukemia, Myeloid, Acute	白血病-急性骨髄性	18987736
SRA026055	Recurring Mutations Found by Sequencing an Acute Myeloid Leukemia Genome	Leukemia, Myeloid, Acute	白血病-急性骨髄性	19657110
SRA009897	In-depth characterization of the microRNA transcriptome in a leukemia progression model	Leukemia, Myeloid, Acute	白血病-急性骨髄性	18849523
SRA029797	Exome Sequencing Identifies Somatic Mutations in Acute Monocytic Leukemia	Leukemia, Myeloid, Acute	白血病-急性骨髄性	21399634

Total: 6 << first < prev 1 next > last >> 10



生物種からの検索

Project List (from taxonomy) ×

sra.dbcls.jp/cgi-bin/taxon2study.cgi?type=&platform=&taxon_id=4530&taxon_tree=on&taxon_in=Oryza+sativa

Project List from taxonomy (β version)

Study Type: Platform: Taxon ID: 4530 Species name: Oryza sativa

incl. child taxonomy (ex. strains) ☒

Search

→ back to DBCLS SRA top

Oryza > Oryza sativa

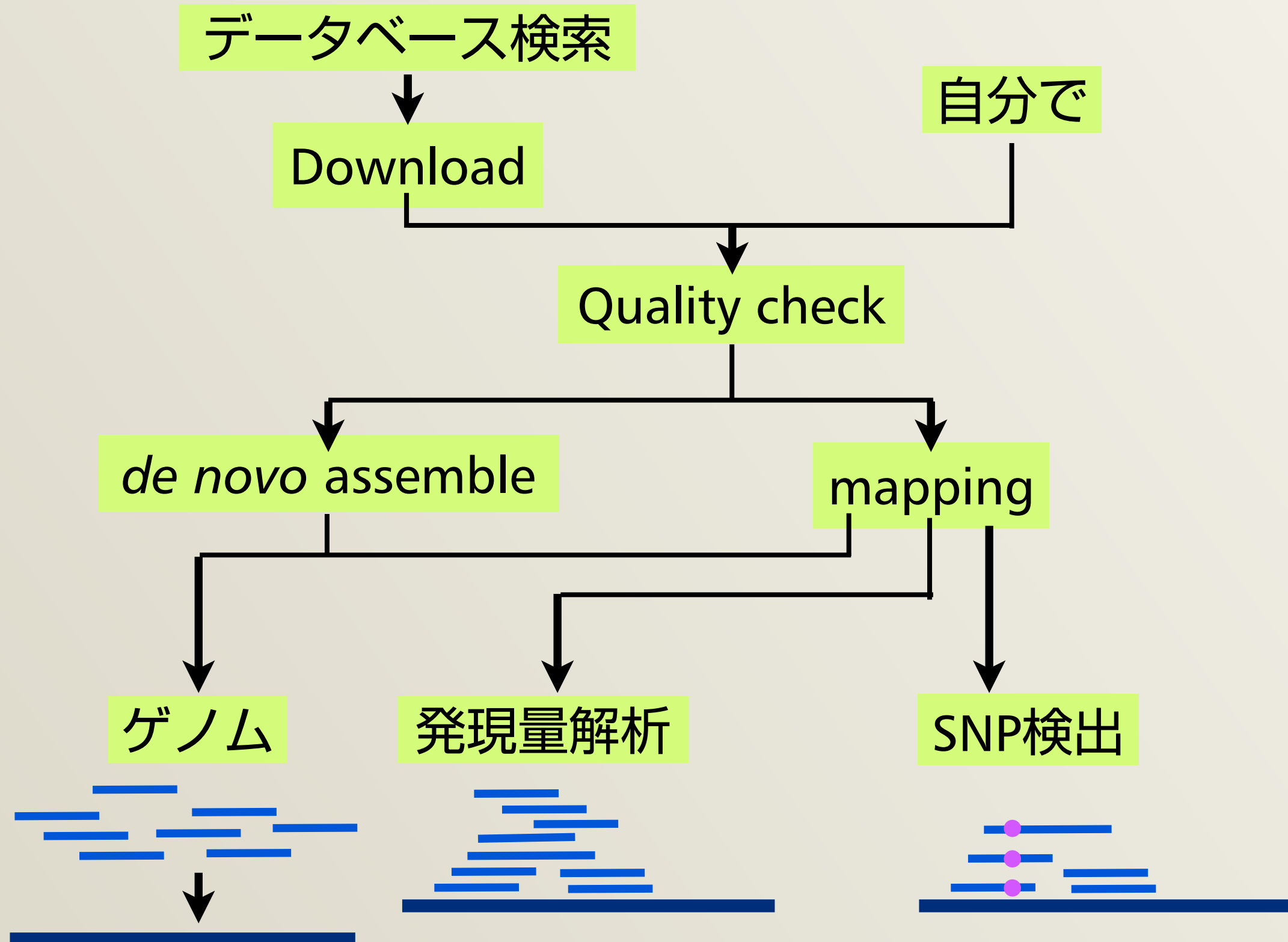
→ TAB-delimited format

Total: 580 << first < prev 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 next > last >> 10

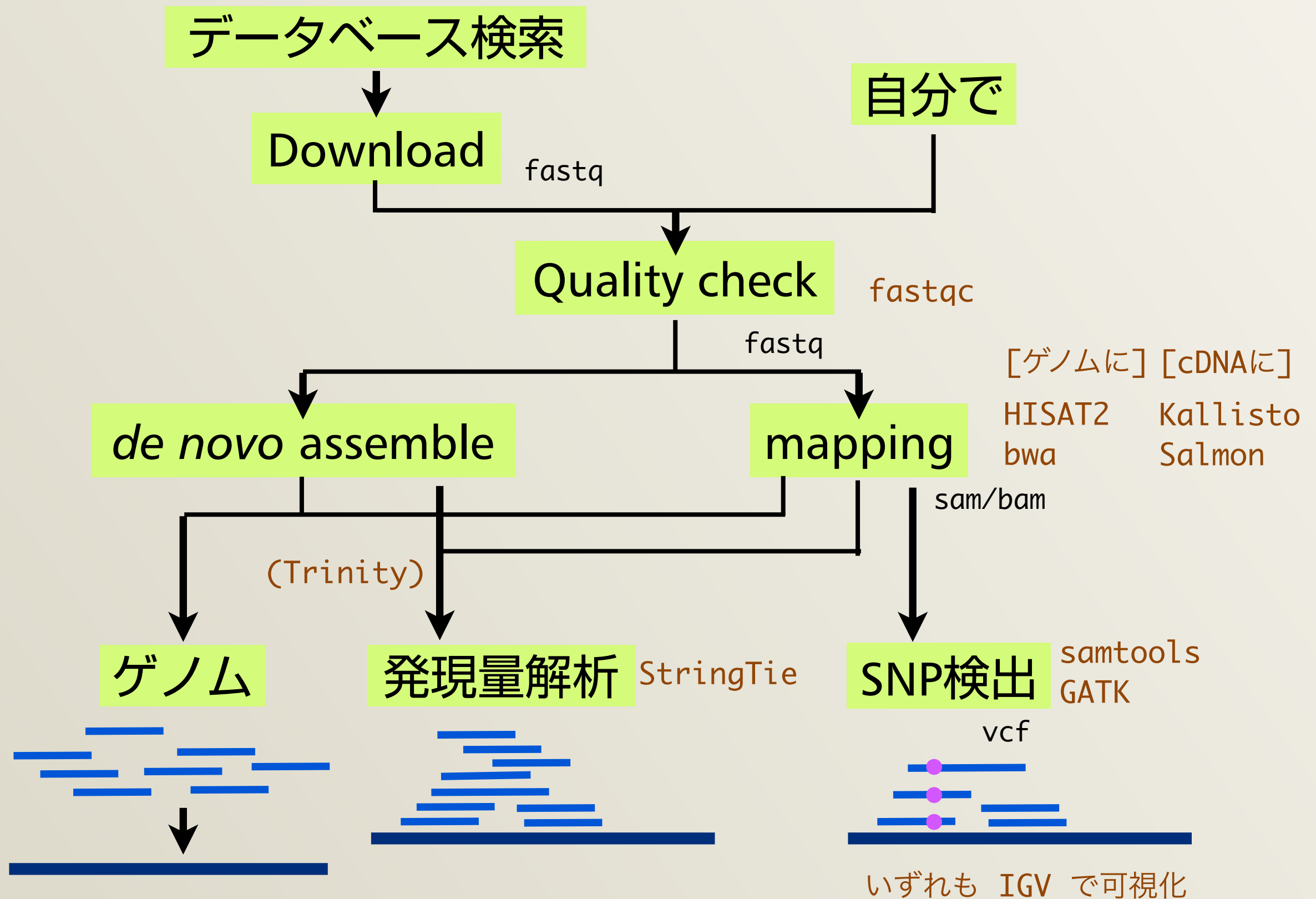
SRA ID	Study ID	Study Title	Study Type	Taxon ID	Taxon Name	Exps	Runs
SRA216709	SRP051189	Oryza sativa Transcriptome or Gene expression	Transcriptome Analysis	4530	Oryza sativa	0	0
SRA240900	SRP054995	Oryza sativa japonica Genome sequencing	Whole Genome Sequencing	4530	Oryza sativa	1	0
SRA244535	SRP055515	Small RNA populations in Argonaute complexes purified from Rice stripe Tenuivirus (RSV)-infected rice	Other	4530	Oryza sativa	6	0
DRA000685	DRP000716	Diversity in the complexity of phosphate starvation transcriptomes among rice cultivars based on RNA-Seq profiles	Transcriptome Analysis	39946	Oryza sativa Indica Group	7	57
ERA000212	ERP000096	Novel exon splicing junctions and novel transcriptional active regions in Oryza sativa	Transcriptome Analysis	39946	Oryza sativa Indica Group		18
ERA009070	ERP000235	The indica genome sequence by next-generation sequencing	Whole Genome Sequencing	39946	Oryza sativa Indica Group		5
SRA010796	SRP001724	GSE19050: Degradome sequencing reveals endogenous small RNA targets in rice (Oryza sativa L. ssp. indica)	Transcriptome Analysis	39946	Oryza sativa Indica Group		1
SRA012190	SRP002084	Single-base resolution DNA methylomes of rice and functional roles of DNA methylation	Epigenetics	39946	Oryza sativa Indica Group		22
SRA026538	SRP004490	Plant genome sequencing data	Whole Genome Sequencing	39946	Oryza sativa Indica Group	3	93
SRA036013	SRP006587	Oryza sativa Project	Whole Genome Sequencing	39946	Oryza sativa Indica Group		1

データ解析 概略

NGSデータ解析の流れ



NGSデータ解析の流れ（詳細版）



FASTQフォーマット

```
@DRR001107.1 GEZQ5F001EEA7F length=77
GCAACATTCAACACATATGTGTTGAATGTTGCACGACGGNGTG...
+DRR001107.1 GEZQ5F001EEA7F length=77
C@BBBECCECDBBBAAAAAA<441111<?@>?=?????44!000...
```

4行1組	1行目： @ + タイトル
	2行目： 塩基配列
×	3行目： + (+ タイトル)
数千万	4行目： シーケンスクオリティ
数十億	

[参考] FASTAフォーマット

塩基配列を表現するフォーマット

```
>AB084425.1 ee1 SLC26A6  
GACCCAAAACTGATAGGTGATGTTTCACGTAGTGGC  
CATCGCCTGATAGACGGTTTTTCGCCCTTTGACGTT  
GGAGTCCACGTTCTTTAATAGTGACTCTGAGTAAA ...
```

1行目： > + タイトル

2行目以降： 塩基配列

コマンド例：Quality checkからtrimming

Quality Check

```
$ fastqc --nogroup -o DRR1234567.fastq
```

コマンド名 おまじない

対象ファイル名

trimming

```
$ trim_galore --paired --illumina --fastqc -o trimmed/
```

コマンド名

pair-end

Illuminaデータ fastqcもかける

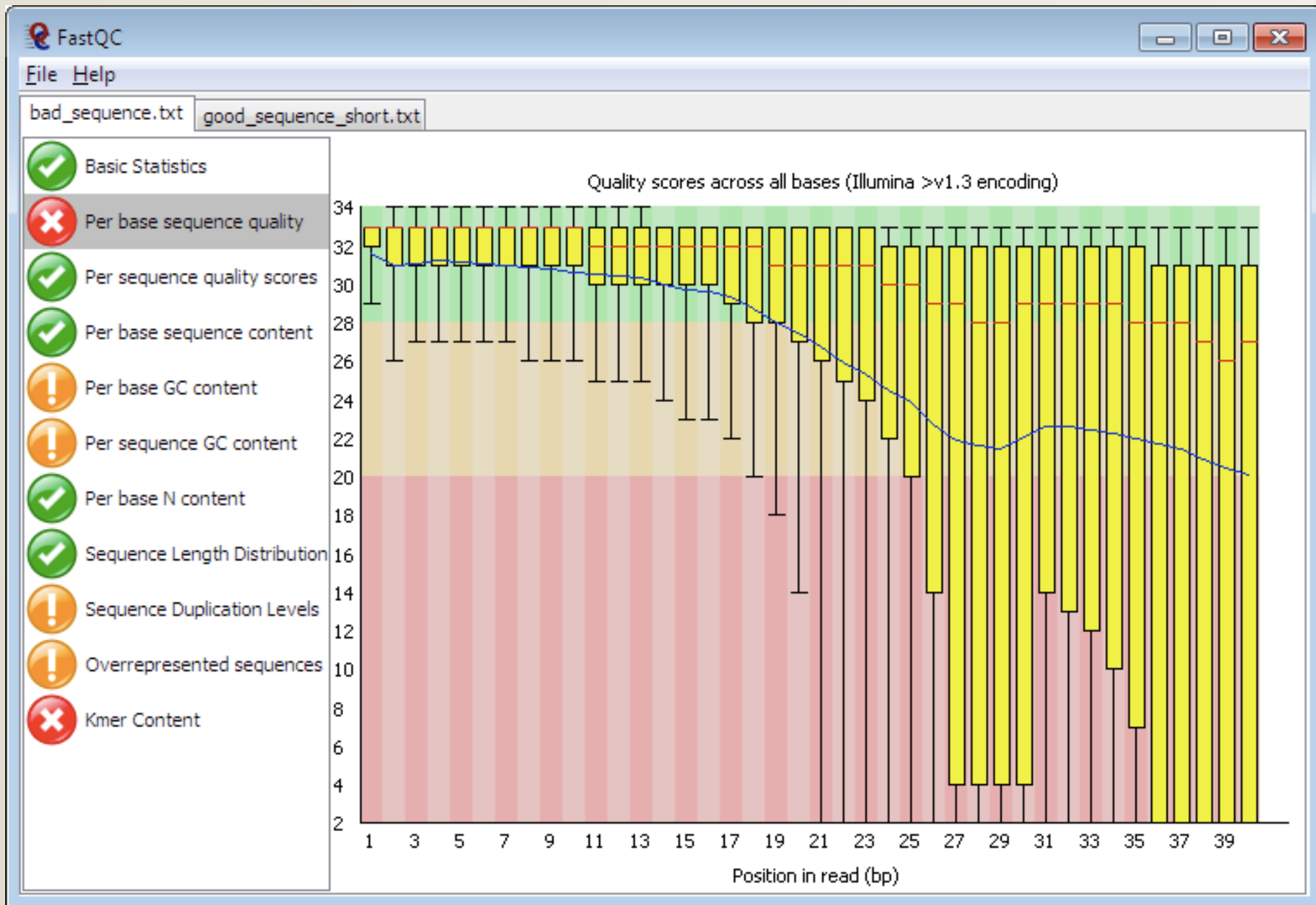
出力先

```
DRR1234567.R1.fastq DRR1234567.R2.fastq
```

対象ファイル名・その1

対象ファイル名・その2

fastqc結果例



コマンド例：mapping/assemble

ゲノムへのmapping

```
$ hisat2-build input_genome.fa genome_index ← index作成
$ hisat2 -x genome_index -1 pair1.fastq -2 pair2.fastq
    コマンド名          index名          対象ファイル名          対象ファイル名
-p 24 -S output.sam
    CPU数          出力ファイル名
```

transcriptへのmapping

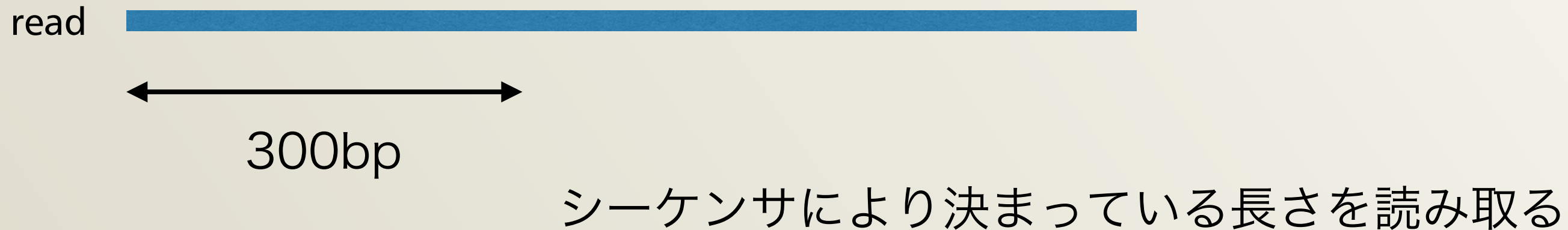
```
$ salmon index -t transcript.fasta.gz -i index_dir
$ salmon quant -i index_dir/ -l A -1 pair1.fastq.gz -2 pair2.fastq.gz
  -p 8 -o output/ --validateMappings -p 24 -S output.sam
```

de novo assemble

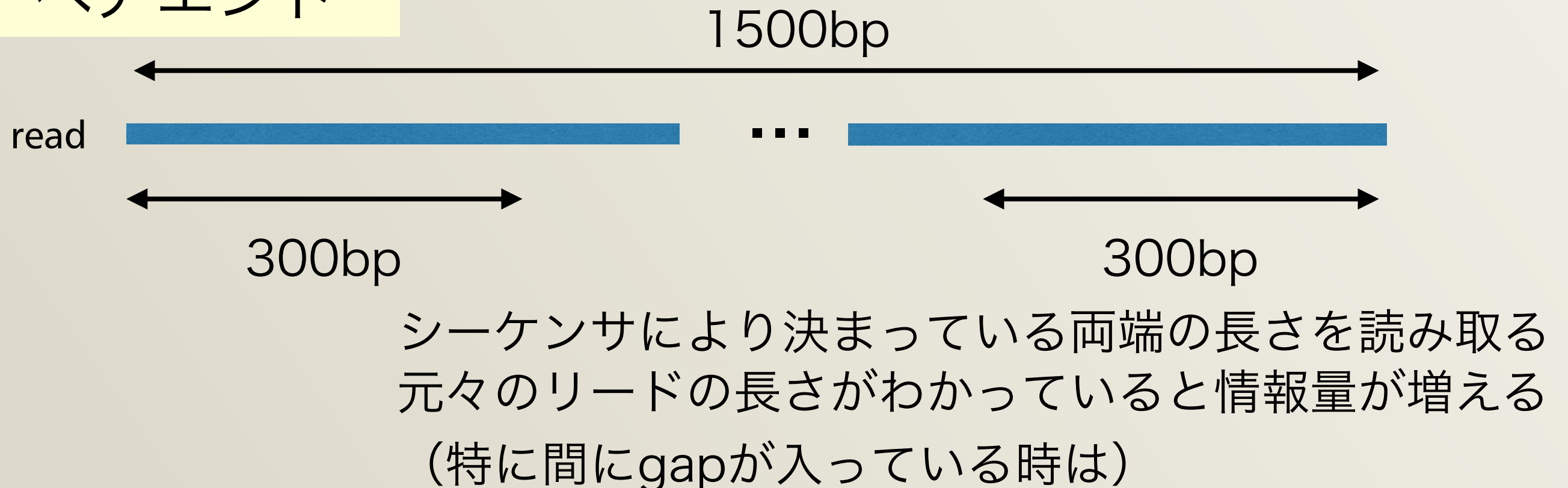
```
$ Trinity --seqType fq --left pair1.fastq --right pair2.fastq
  --max_memory 24G --CPU 16
```


シングルエンド/ペアエンド

シングルエンド



ペアエンド



sam/bamフォーマット

(Sequence Alignment/Map Format)

SRR445820.39542705	0	chr17	1	0	4M1I31M	*	0	0	AAAGCTTCTCACCTGTTCCTGCATAGATAATTGCA	?5>7(+2;'1..'+'<
SRR445820.29211975	16	chr17	88	42	36M	*	0	0	CCACGACCAACTCCCTGGGCCTGGCACCAGGGAGCT	#####BDB8DACC
SRR445820.7156374	16	chr17	138	42	36M	*	0	0	CCAGCGAATACCTGCATCCCTAGAAGTGAAGCCACC	BBB=:;BBEABFBFB
SRR445820.22614977	0	chr17	156	30	36M	*	0	0	CCTAGAAGTGAAGCCACCGCCCAAAGACACGCCCAT	GGGD>DBB3D=??=<
SRR445820.19222309	0	chr17	185	42	36M	*	0	0	CGCCCATGTCCAGCTTAACCTGCATCCCTAGAAGTG	IIIIIIIIIIIIHH
SRR445820.32725447	16	chr17	213	31	36M	*	0	0	TAGAAGTGAAGGCACCGCCCAAAGACACGCCCATGT	CGCGGGGDGGGBGAA
SRR445820.43349427	0	chr17	221	31	36M	*	0	0	AAGGCACCGCCCAAAGACACCGCCCATGTCCAGCTTA	TTTTTTTTTTTTTT

各リードの名前

mapされた

染色体/scaffold

mapされた場所

(何塩基目)

各リードの配列

各リードの
クオリティ

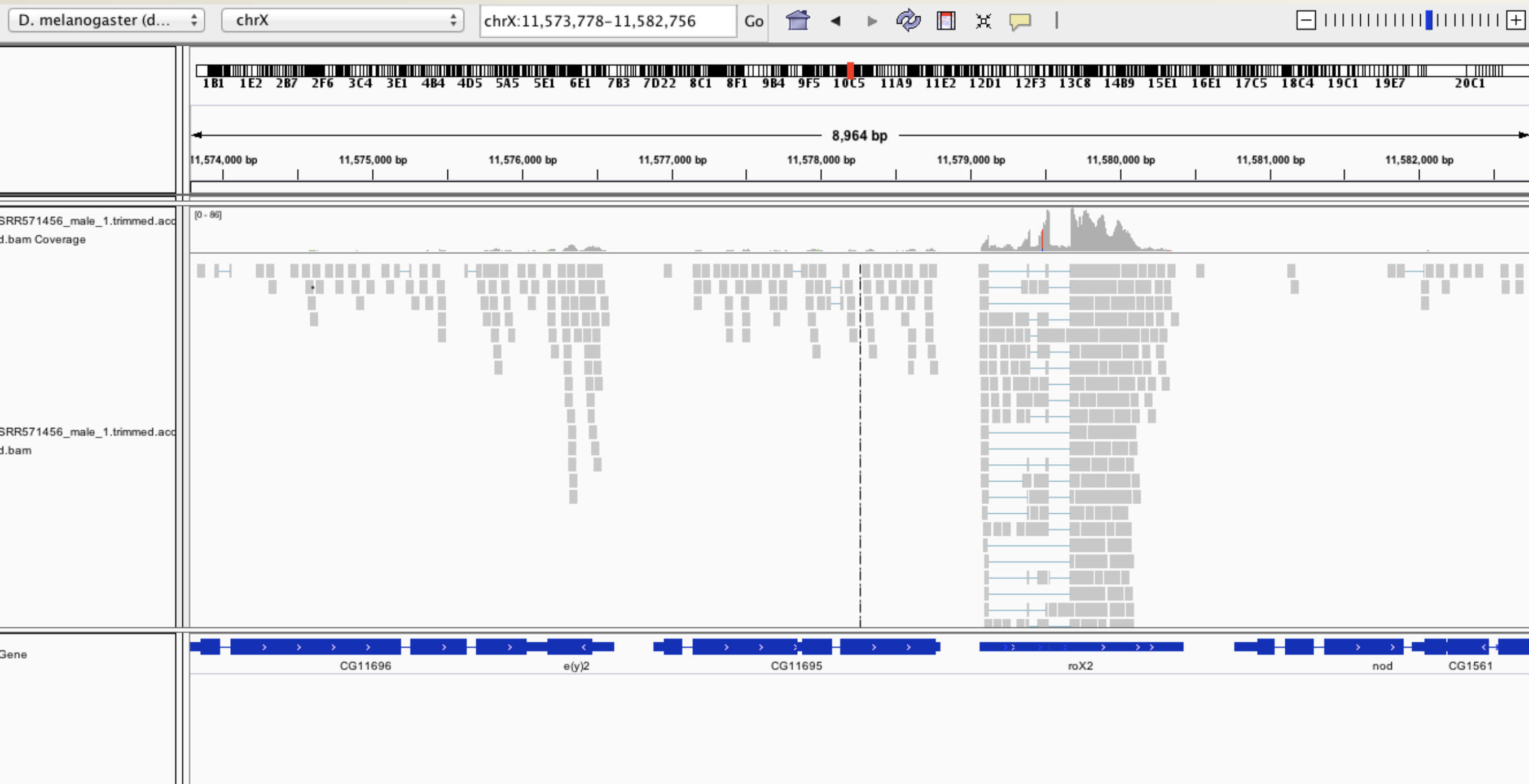
※ その他、マッピングの状況など

※ bam は sam をバイナリにしたもの

(人間が読めるデータからコンピューター用に変換)

(sam だとデータサイズが非常に大きくなるのでbamにして圧縮)

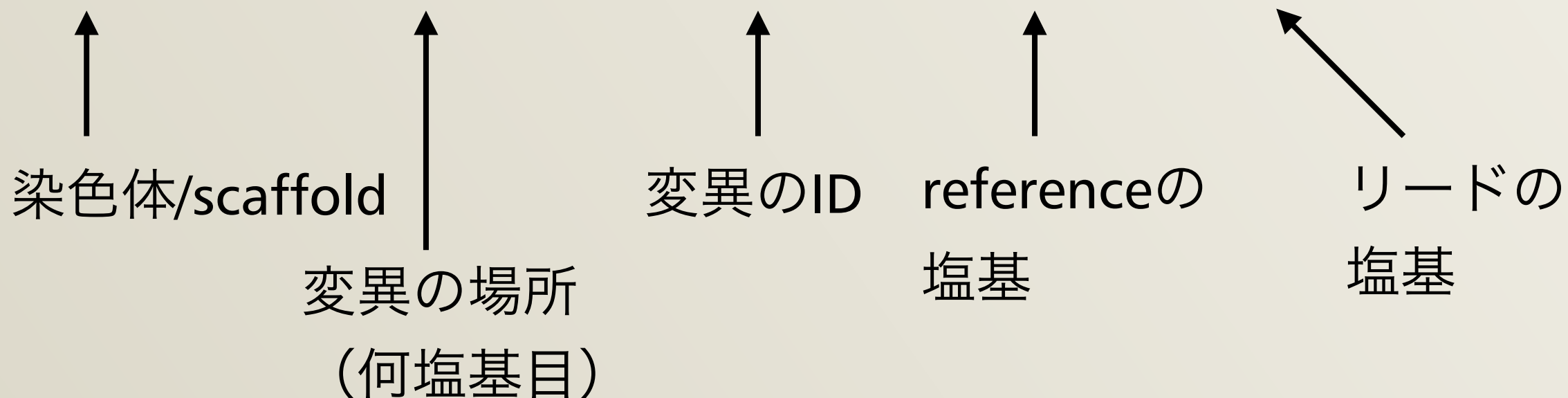
IGVによる可視化



vcfデータ

(variant call format)

3	178738432	rs6790867	T	C	1061.77	PASS	AC=2
3	178739594	rs1542 C	G		1466.77	PASS	AC=2;AF=1.00
3	178740415	rs146675821	G	GA	168.74	PASS	AC=2
3	178740422	rs7641761	T	A	316.77	PASS	AC=2
3	178740425	rs61798175	T	A	313.77	PASS	AC=2



※ この場合、変異のIDとはdbSNPのIDをさしています

遺伝子機能アノテーション

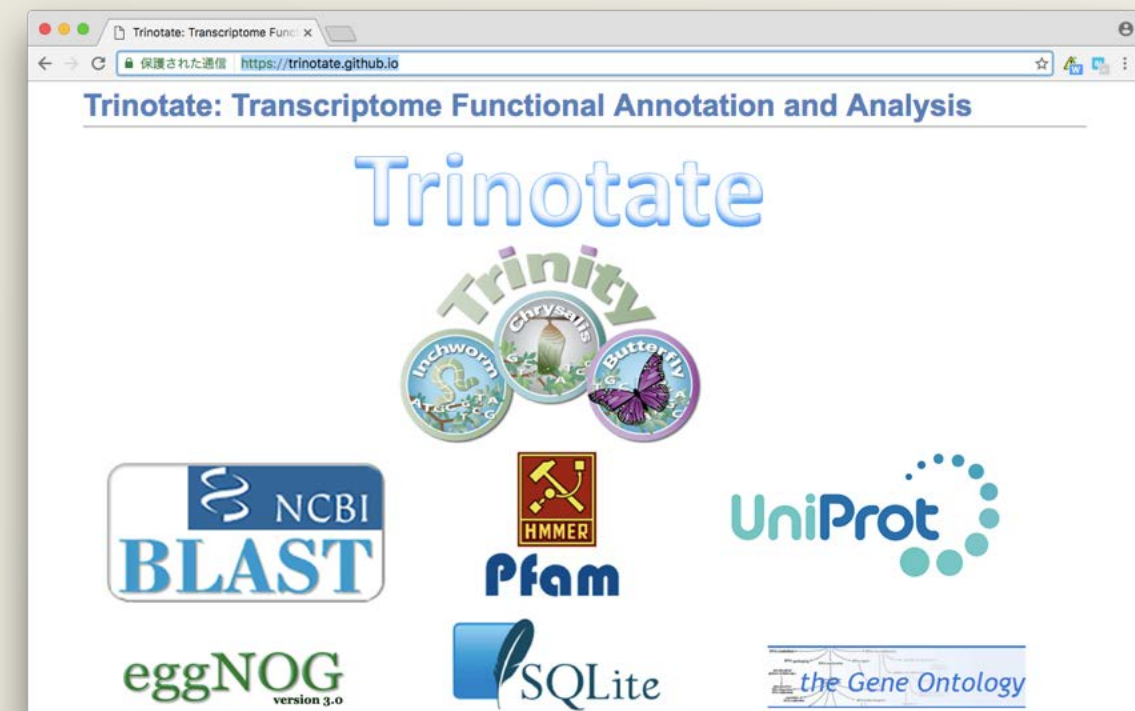
- BLASTで類似性のある遺伝子を検索

```
$ blastx -query Trinity.fasta -db uniprot_sprot.pep  
-num_threads 8 -max_target_seqs 1 -outfmt 6 > blastx.outfmt6
```

TRINITY_DN15083_c2_g1_i1	tr O22669 O22669_PANGI	99.160	119	1	0	1	357	85	203	2.33e-79	242
TRINITY_DN15083_c2_g1_i2	tr A0A089WZX0 A0A089WZX0_KALFE	92.884	267	19	0	74	874	1	267	2.20e-175	498
TRINITY_DN15083_c2_g1_i3	tr Q1KLZ3 Q1KLZ3_9R0SI	86.364	66	9	0	95	292	1	66	6.90e-31	117
TRINITY_DN15083_c2_g1_i4	tr I3SIW2 I3SIW2_LOTJA	97.458	118	3	0	1	354	84	201	8.34e-79	238
TRINITY_DN15083_c2_g1_i5	tr Q1KLZ3 Q1KLZ3_9R0SI	95.270	148	7	0	3	446	26	173	2.31e-99	294

- hmmerでドメイン検索

```
$ hmmscan --cpu 8 -domtblout  
TrinotatePFAM.out Pfam-A.hmm  
transdecoder.pep > pfam.log
```



<https://trinotate.github.io/>

RNA-Seq

AOE (All of Gene Expression)



Enter keyword, e.g. hypoxia

検索

English

登録データランキング

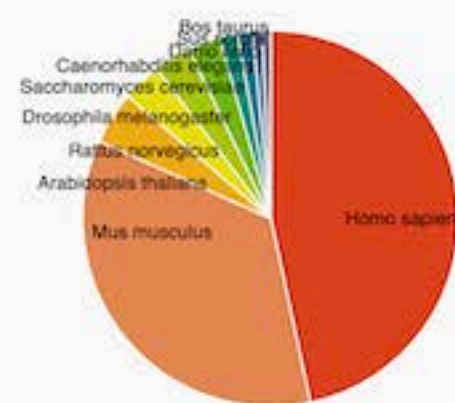
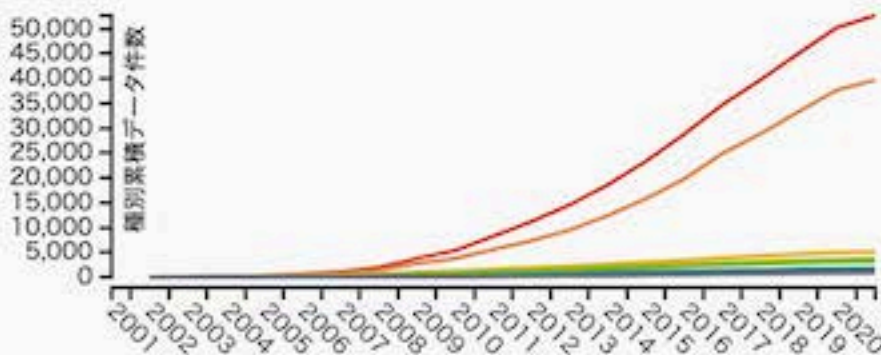
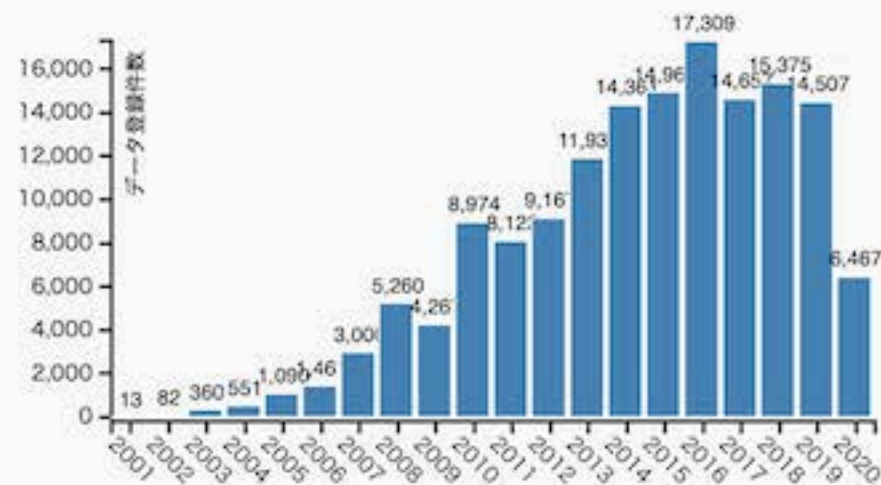
データリスト

使い方

API

生物種別登録データランキング

選択した項目でリストを表示



1	Homo sapiens	52,665	
2	Mus musculus	39,674	
3	Arabidopsis thaliana	5,088	
4	Rattus norvegicus	3,808	
5	Drosophila melanogaster	3,617	
6	Saccharomyces cerevisiae	3,155	
7	Caenorhabditis elegans	1,751	
8	Danio rerio	1,443	
9	Sus scrofa	923	
10	Bos taurus	832	

show more

マイクロアレイなども含めた遺伝子発現データの検索

ChIP–Seq

ChIP-Atlas

[ChIP-Atlas](#)[Peak Browser](#)[Target Genes](#)[Colocalization](#)[in silico ChIP](#)[Documentation](#)[Find an experiment ▾](#)

ChIP-Atlas

ChIP-Atlas is an integrative and comprehensive database for visualizing and making use of public ChIP-seq data. ChIP-Atlas covers almost all public ChIP-seq data submitted to the SRA (Sequence Read Archives) in NCBI, DDBJ, or ENA, and is based on over 46,000 experiments.

[Watch movie introduction](#)

The four main features of ChIP-Atlas are:

Peak Browser

graphically visualizes protein binding on given genomic loci with genome browser (IGV).

[Watch Movie](#)

Target Genes

predicts target genes bound by given transcription factors.

[Watch Movie](#)

Colocalization

predicts partner proteins colocalizing with given transcription factors.

[Watch Movie](#)

in silico ChIP

predicts proteins bound to given genomic loci and genes.

[Watch Movie](#)

すでにゲノムにマップして可視化できるようにしたサイトが
<http://chip-atlas.org/>

ChIP-Atlas の情報の可視化



サイトにチュートリアルムービーあり

メタゲノム

MicrobeDB.jp

[Sign In](#)



Gene: psbA
Taxonomy: Streptococcus glycerinaceus
Mapping: Escherichia coli O157:H7 str. Sakai
Environment: hot spring
SRS: rumen
Strain: Bifidobacterium
Disease: Cholera
MiGap: GAF

<http://microbedb.jp/>

SRAへの登録

DRAへの登録

DRA Handbook

←

→

↺

trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/submission.html#DRA_へのデータ登録

☆

B!

⚠

☰

DRA へのデータ登録

ヒトを対象とした研究データの登録について

ヒトを対象とした全ての研究において DDBJ に送付するデータの由来である個人 (被験者) の情報・プライバシーは、適用されるべき法律、規定、登録者が所属している機関の方針に従い、登録者の責任において保護されている必要があります。
原則として、被験者を直接特定し得る参照情報は、登録データから取り除いてください。
ヒトを対象とした研究データを登録する場合は「[ヒトを対象とした研究データの登録について](#)」をご覧ください。

次世代シーケンサからのデータを DRA に登録するためにはメタデータとシーケンスデータが必要です。

解析後の配列データは DDBJ へ登録します。DDBJ Mass Submission System (MSS) が、次世代シーケンサから生み出されるゲノムや大量データの登録受付先になります。

特許に関連するデータの登録

登録するデータが特許に関連する場合は、「[特許に関連する塩基配列の登録に関する注意、データの優先権](#)」の内容を必ずご確認ください。

DRA 登録の流れ

目次: [🔗](#)

1. 登録アカウントを作成

- [D-way 登録アカウント](#)を作成
- [公開鍵と center name](#) をアカウントに登録し、DRA 登録を可能に

In this page

DRA について

メタデータ

データファイル

DRA へのデータ登録

DRA 登録の流れ

DRA へのデータ登録方法

登録の更新

補足: MD5 値

PDF Download

[PDF をダウンロード](#)

Submit

Login & Submit

Contact

Archives

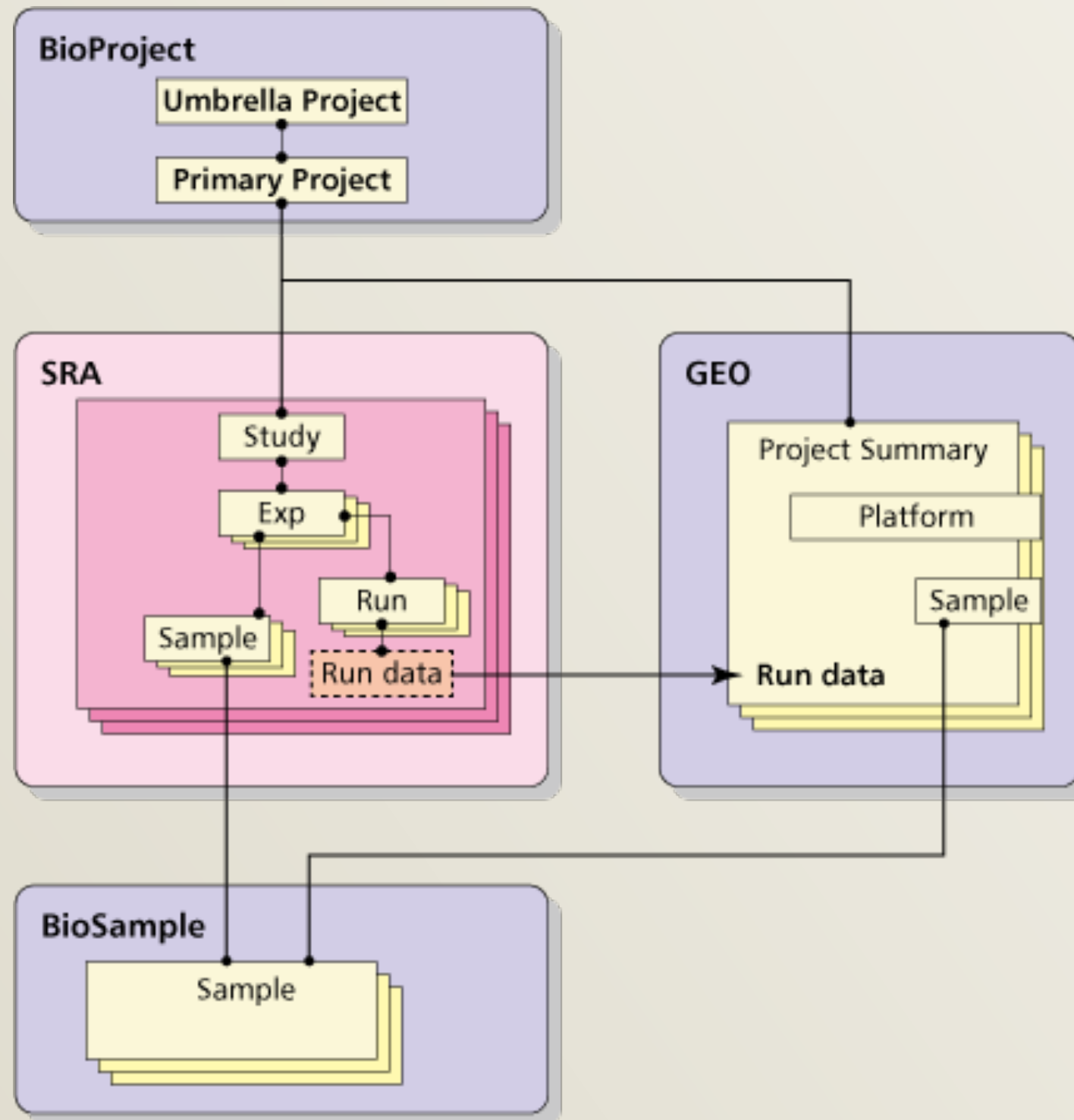
News by year: Latest ▾

FAQs

Handbooks

http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/submission.html

データ構造（再掲）



DRAへの登録フロー

DRA 登録の流れ

目次: 

1. 登録アカウントを作成

- [D-way 登録アカウント](#)を作成
- [公開鍵と center name](#) をアカウントに登録し、DRA 登録を可能に

2. DRA 登録を作成しデータファイルをアップロード

- 新規 DRA 登録を作成 ([アカウントに DRA 登録権限を付与しておきます](#))
- BioProject, BioSample, Experiment と Run を投稿する前にデータファイルを scp でアップロード

3. プロジェクトとサンプル情報を登録

[BioProject \(Study\)](#)

- 研究プロジェクトの内容
- 「なぜ」そのサンプルをシーケンスしたのか

[BioSample \(Sample\)](#)

- 生物学的、物理的にユニークなサンプル
- 「何を」シーケンスしたのか

 メタデータをタブ区切りテキストファイルで登録できます

シーケンスデータ

(FASTQ or BAM) に加え
メタデータ (実験情報) を
書いてDDBJに登録

4. Experiment と Run を登録

DRA Experiment

- 特定のサンプルから構築したライブラリーについての説明
- 「どのように」シーケンスをしたのか
- 複数の Experiment は一つの Sample を参照できるが、逆はできない

DRA Run

- Experiment と Run を投稿した後、データファイルの検証処理を開始
- Run にリンクしている全てのデータファイルは1つの SRA ファイルにマージされます

5. シーケンスデータファイルの検証処理

- シーケンスデータファイルをアーカイブ用 SRA ファイルに変換する処理を開始
- 検証処理を通った登録が査定されアクセッション番号が発行される

DRAへの登録 (Sample)

bioample							
ホーム 挿入 印刷レイアウト 数式 データ 校閲 表示							
A12							
	A	D	E	F	G	L	
1	*sample_name	*organism	*taxonomy_id	bioproject_id	strain	biomaterial_provider	collectio
2	Bmori-strainXXXwt-tissue-1	Bombyx mori	7091	PRJDB####	XXX	Kyushu Univ/NBRP	
3	Bmori-strainXXXwt-tissue-2	Bombyx mori	7091	PRJDB####	XXX	Kyushu Univ/NBRP	
4	Bmori-strainXXXwt-tissue-3	Bombyx mori	7091	PRJDB####	XXX	Kyushu Univ/NBRP	

DRAへの登録 (Experiment)

Submission: chalkless-0001

保護された通信 <https://trace.ddbj.nig.ac.jp/D-way/contents/dra/metadefine?serial=1&type=experiment>

Submit/Update DRA metadata

SUBMISSION

BIOPROJECT

BIOSAMPLE

EXPERIMENT

RUN

ANALYSIS (optional)

- For more information, please see the [Experiment metadata](#).
詳細は [Experiment メタデータ](#) を参照してください。
- Click the "Save" button and fix aliases to edit metadata in TSV file.
"Save" をクリックして alias を確定してから TSV で内容を編集してください。

Save

Next (RUN)

Edit Experiment by using tab-delimited text (TSV) file

Download TSV file

Upload TSV file

ファイルを選択

選択されていません

Experiment

+

Add another Experiment(s)

1

Copy Experiment #1

#	Alias	*BioSample Used	Library Name	*Library Source	*Library Selection	*Library Strategy
1	chalkless-0001_Experiment_0001	SAMD00058752		TRANSCRIPTOMIC	cDNA	RNA-Seq
2	chalkless-0001_Experiment_0002	SAMD00058753		TRANSCRIPTOMIC	cDNA	RNA-Seq
3	chalkless-0001_Experiment_0003	SAMD00058754		TRANSCRIPTOMIC	cDNA	RNA-Seq

Save

Next (RUN)

参考リソース

参考図書・その1 ～ 実験もやる人向け

本・医学・薬学・看護学・歯科学・基礎医学



この画像を表示

次世代シーケンス解析スタンダード～NGSのポテンシャルを活かしきる

WET&DRY 単行本 - 2014/8/23

二階堂 愛 (編集)

★★★★☆ 3件のカスタマーレビュー

▶ その他 () の形式およびエディションを表示する

単行本
¥ 5,940

¥ 5,682 より 4 中古品の出品
¥ 5,940 より 1 新品

住所からお届け予定日を確認 既定の住所を使用 詳細

9/1 木曜日 にお届けするには、今から**14 時間 57 分**以内に「お急ぎ便」または「当日お急ぎ便」を選択して注文を確定してください（有料オプション。[Amazonプライム会員](#)は無料）

amazonstudent [Amazon Student](#)会員なら、この商品は+10%Amazonポイント還元(Amazonマーケットプレイスでのご注文は対象外)。[無料体験](#)でもれなくポイント1,000円分プレゼントキャンペーン実施中。

実験デザイン・サンプルの用意から解析まで

参考図書・その1-2 ～ 実験もやる人向け



NGSアプリケーション RNA-Seq実験ハンドブック～発現解析からncRNA、シングルセルまであらゆる局面を網羅! (実...
鈴木 穰

★★★★☆ ☆ 1

単行本

¥8,690

87ポイント(1%)



NGSアプリケーション 今すぐ始める! メタゲノム解析 実験プロトコール～ヒト常在細菌叢から環境メタゲノムまでサン...
服部 正平

★★★★☆ ☆ 2

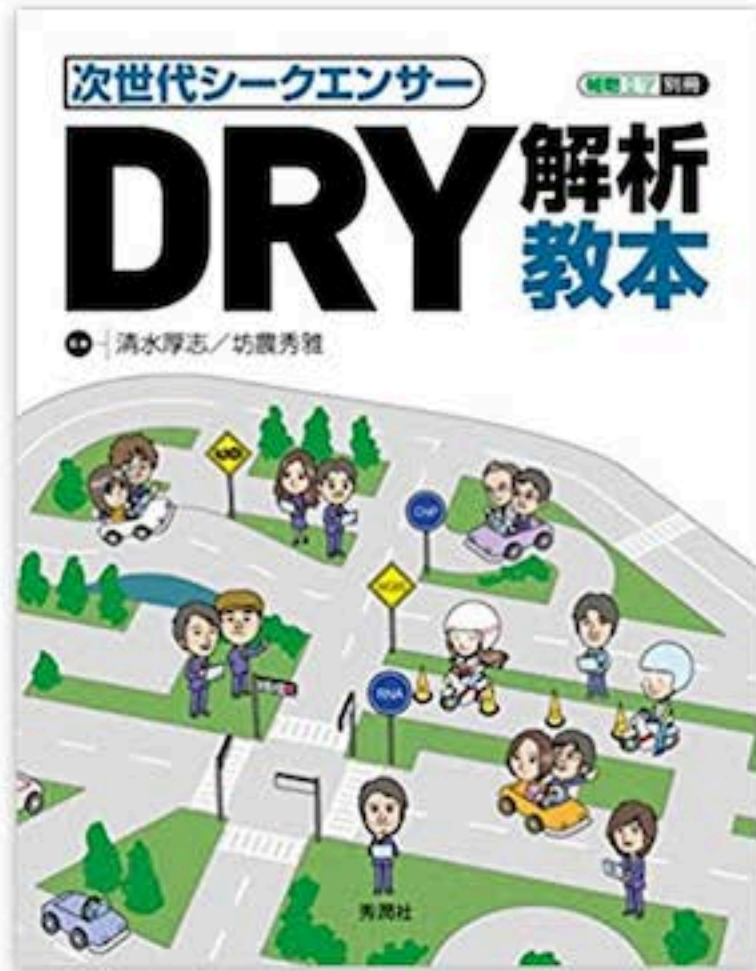
単行本

¥9,020

90ポイント(1%)

より新しい（ウェット）実験の書籍も

参考図書・その2 ～ 解析を詳しく



次世代シーケンサーDRY解析教本 (細胞工学別冊) (日本語) 単行本 – 2015/10/15

清水厚志 (監修), 坊農秀雅 (監修)

★★★★☆ 8個の評価

＞ その他 の形式およびエディションを表示する

Kindle版 (電子書籍)

¥5,400

獲得ポイント: 54pt

今すぐお読みいただけます: [無料アプリ](#)

単行本

¥7,678

¥6,979 より 10 中古品

¥8,100 より 3 新品

¥23,952 より 1 コレクター商品

お届け日: 10月11日 - 13日 [詳細を見る](#)

最も早いお届け日: 明日 [詳細を見る](#)

NGSデータ解析を丁寧に解説。Kindle版あり

参考図書・その2の2 ～ 解析を詳しく



次世代シーケンサーDRY解析教本 (日本語) 単行本 -

2019/12/12

清水厚志 (著, 編集), 坊農秀雅 (著, 編集)

★★★★☆ 5個の評価

> その他 の形式およびエディションを表示する

単行本

¥6,160

獲得ポイント: 62pt

¥8,320 より 4 中古品

¥6,160 より 8 新品

¥10,606 より 1 コレクター商品

お届け日: 10月9日 - 10日 [詳細を見る](#)

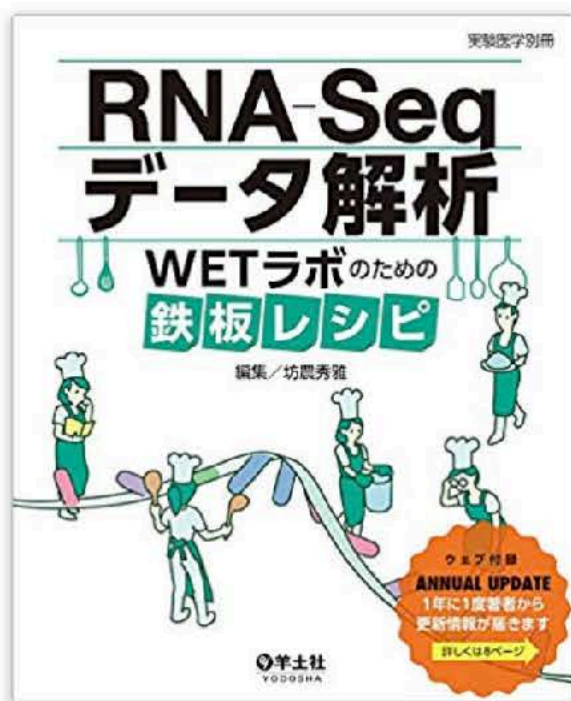
最速の配達日: 10月9の金曜日、8AM-12PMの間にお届けします。 購入手続き画面で

NGSデータ解析を今回も丁寧に解説。

非モデル、メタゲなど農学部寄り

参考図書・その2の3 ～ RNA-Seq解析を詳しく

[検索結果に戻る](#)



RNA-Seqデータ解析 WETラボのための鉄板レシピ (実験医学別冊)

単行本 - 2019/12/4

坊農 秀雅 (編集)

[その他 \(\) の形式およびエディションを表示する](#)

単行本

¥4,950

獲得ポイント: 50pt

¥4,950 より 1 新品

「予約商品の価格保証」対象商品。 [詳細](#) ↓

この商品の特別キャンペーン SUUMO住宅情報誌と対象の本の同時購入で合計金額から… 1 件 ↓

411-0801 - 静岡県三島市にお届けできます。

[シェアする](#) [メール](#) [Facebook](#) [Twitter](#) [LINE](#)

¥4,950

ポイント: 50pt (1%)

[詳細はこちら](#)

通常配送無料 [詳細](#)

この本の出版予定日は2019年12月4日です。 [在庫状況](#) について

ただいま予約受付中です。

この商品は、[Amazon.co.jp](#) が販売、発送します。

数量:

[カートに入れて予約注文する](#)

[今すぐご予約ください](#)

RNA-Seqデータ解析について詳しく解説

参考図書・その2の4 ～ バリエント解析を詳しく



バリエントデータ検索&活用 変異・多型情報を使いこなす達人レシピ

(実験医学別冊) (日本語) 単行本 – 2020/9/28

坊農 秀雅 (編集)

＞ その他 の形式およびエディションを表示する

単行本
¥5,500
獲得ポイント: 55pt

¥7,354 より 1 中古品
¥5,500 より 3 新品

お届け日: 10月9日 - 10日 [詳細を見る](#)

最速の配達日: 10月9日の金曜日、8AM-12PMの間にお届けします。 購入手続き画面でご都合のよい時間帯を選択してください。

医学部向けデータベース、解析について詳しく解説

参考図書・その3 ～ 初心者向け入門書



2点すべてのイメージを見る

Dr. Bonoの生命科学データ解析 単行本 - 2017/9/29

坊農秀雅 (著)

★★★★★ 3件のカスタマーレビュー

その他 () の形式およびエディションを表示する

単行本
¥ 3,240

¥ 4,205 より 8 中古品の出品
¥ 3,240 より 4 新品

5/25 土曜日 にお届けするには、今から**21 時間 4 分**以内にお急ぎ便を選択して注文を確定してください (Amazonプライム会員は無料 [詳細を見る](#))

まとめ買いで
最大 **10%**
ポイント還元

【2冊で最大4%、3冊以上で最大8%、10冊以上で最大10%】ポイント還元

2冊を購入する際クーポンコード「2BOOKS」を、3冊以上は「MATOME」を入力すると最大8~10%ポイント還元! [今すぐチェック](#)

シェアする    

¥ 3,240

ポイント: 96pt (3%)

[詳細はこちら](#)

通常配送無料 [詳細](#)

残り**10点** (入荷予定あり) [在庫状況について](#)

この商品は、[Amazon.co.jp](#) が販売、発送します。

数量:

 カートに入れる

 [今すぐ買う](#)

時間を節約

1-Click注文を有効にすると、すぐに注文できます。

[詳細はこちら](#)

詳細な解析をひととおり知りたい



The screenshot shows the NBDC (National Bioscience Database Center) website. The header includes the NBDC logo and the text "バイオサイエンスデータベースセンター". The navigation menu includes "ホーム", "NBDCについて", "研究開発", "公募情報", "採用情報", "イベント", "人材支援", "アクセス", and "リンク". The main content area is titled "H28年度 NGSハンズオン講習会カリキュラム". Below this, there is a link to "カリキュラム (PDF: 72KB)". A table lists the workshop schedule and content.

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)	講義資料・動画(統合TV)
7月19日 (火)	10:30-18:15	はじめに (講習会参加者必読) PC環境の構築	Bio-Linux8とRのインストール状況確認	・ 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 ・ 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 ・ R本体およびパッケージのインストール確認 ・ 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	主催・共催機関	講義資料 (PDF:4MB)
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	・ NGS解析手段、ウェブツール(DDBJ Pipeline)との連携 ・ 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 ・ 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) ・ 塩基配列解析を行うための基本スキルの復習	門田 幸二 (東京大学)	講義資料 (PDF:7.3MB) 解析データ (ZIP:2.2MB) 統合TV

NGSハンズオン講習会

JST-NBDC + 東大アグリバイオ

このところ毎年やっています
統合TVで録画・公開済

<https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop/h28-2>

※ 「NGS 講習会」 でググれ