

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)

本カリキュラムは、次世代シーケンサデータを扱うにあたり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」に分かれています。

【速習】

大項目	日数		No.	項目	習得技術	レベル	形式
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的理解	初級	講義
			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的理解	初級	講義
	2日	2日	1-3	UNIX I	・UNIXの基礎的理解 ・Linux導入	中級	実習
			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	2.5日	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
		0.25日	4-2	次世代シーケンサ基礎II	・応用分野と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

【速習以外】

大項目	No.	項目	習得技術	レベル	形式
1. コンピュータリテラシーとサーバー設計	1-5	UNIX II	・Windows OS上のUNIX環境構築	中級	実習
	1-6	プログラミング	・C, C++, Java	中級	講義
	1-7	ウェブ開発技術 I	・サーバ構築(apache, XML, JavaScript, Ajaxなど)、公開に関する技術	中級	実習
	1-8	並列計算技術	・並列計算プログラミング技術大規模データ解析のために利用することができるクラスターマシン、クラウド環境(遺伝研スパコン、amazon EC2など)の選定 ・遺伝研スパコンなどの大型計算機システム利用のためのキューイングシステム活用	上級	講義
	1-9	ウェブ開発技術 II	・ビッグデータに対応したサーバ構築技術(Hadoopなど)	上級	実習
2. 配列インフォマティクス	2-3	分子系統解析	・分子系統解析ツールの導入や解析技術	中級	実習
	2-4	遺伝子機能解析	・COG,KEGG,GOなどを利用して、遺伝子配列から遺伝子機能の推定方法	中級	実習
4. 次世代シーケンサ	4-5	次世代シーケンサ 最新技術	・企業からの最新情報 ・機器のスペック、適した利用例及び標準的な導入価格の紹介	中級	講義
	4-6	アセンブル、マッピング	・次世代シーケンサデータ処理技術 ・アセンブル、マッピング	中級	実習
	4-7	発現解析	・次世代シーケンサデータ処理技術 ・RNA-seq 発現解析 ・BAMファイルの読み込み ・BAM → BED形式への変換 ・カウント情報取得(リファレンス配列の違い、アノテーション情報利用の有無など)	中級	実習
	4-8	クロマチン構造解析	・次世代シーケンサデータ処理技術 ・ChIP-seq解析技術 ・Hi-C	中級	実習
	4-9	環境ゲノム解析	・次世代シーケンサデータ処理技術 ・環境ゲノム解析技術の導入および利用技術 ・環境ゲノム解析技術 ・16SrRNAデータ解析: RDPデータベースやqiimeを利用した系統組成推定 ・メタゲノム解析: COG,KEGGを利用した機能組成推定	中級	実習
	4-10	比較ゲノム解析	・次世代シーケンサデータ処理技術 ・比較ゲノム解析 ・ゲノム内比較、種間比較に必要なツール(BLAST, HMMER, MAFFTなどを含む)の導入や解析技術	上級	実習
	4-11	個人ゲノム解析	・次世代シーケンサデータ処理技術 ・個人ゲノム解析 ・正の選択検出、SNVのリスク予測のツールの導入や解析技術	上級	実習
	4-12	疾患ゲノム解析	・次世代シーケンサデータ処理技術 ・CNV解析 ・エキソーム解析 ・変異同定	上級	実習
5. ゲノム関連の倫理・法律	5-2	ゲノム情報倫理応用	・匿名化、暗号化、情報セキュリティ詳細(技術的内容など)	上級	講義