

# NGSハンズオン講習会

~概要、注意事項、受講生の心構え~

門田幸二(東京大学)、白鳥亜希子(JST-NBDC)  
kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp, NGS@biosciencedbc.jp

# NGSハンズオン講習会

受講生の要望に応じて…①講師数を減らし  
項目間の連携強化。②Python追加。③NGS  
解析部分を増加(2.5から4日分)。④統計解析  
追加。⑤ハンズオンのみ。⑥予備日の確保。

- 7月22日(水): Bio-Linux 8とRのインストール状況確認。基本自習(門田・寺田 透先生)
- 7月23日(木): Linux基礎。LinuxコマンドなどUNIXの基礎の理解(門田)
- 7月24日(金): スクリプト言語。シェルスクリプト(アメリエフ株式会社 服部恵美先生)
- 7月27日(月): スクリプト言語。Perl(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月28日(火): スクリプト言語。**Python**(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月29日(水): データ解析環境R(門田)
- 7月30日(木): データ解析環境R(門田)
- 8月3日(月): NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月4日(火): NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月5日(水): NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリエフ 山口昌雄先生、後半:門田)
- 8月6日(木): NGS解析。ChIP-seq(理研 森岡勝樹先生)
- 8月26日(水): 予備日
- 8月27日(木): 予備日
- 8月28日(金): 予備日

# AJACSで補完

DDBJ, DBCLS, NBDCの昨年度講師の先生方は、統合データベース講習会(AJACS)の枠組みでも活動しています。2015年のAJACSは以下の通り。



ホーム シンポジウム 講習会 展示会 連載



## 「統合データベース講習会」過去の実績

「統合データベース講習会」は、2007年度から全国各地の大学や研究機関などで開催されています。詳細は以下の表をご覧ください。

開催場所	開催日
岩手医科大学	2014年12月5日
帯広畜産大学	2014年9月12日
徳島大学	2014年8月20日
信州大学	2014年7月17日
長崎大学	2014年7月3日
化学及血清療法研究所	2014年1月22日-24日
北海道大学	2013年11月6日
富山大学	2013年8月30日
琉球大学	2013年7月30日-31日
岐阜大学	2013年7月12日
物質・材料研究機構	2013年5月28日
静岡県立大学	2013年1月12日-13日

- ・東京医科歯科大学(2015年5月20日-21日 **開催**)
- ・大阪大学 (2015年6月 **16日-17日開催**)
- ・鳥取大学 (2015年8月4日開催予定)
- ・弘前大学 (2015年9月3日-4日開催予定)
- ・愛媛大学 (2015年9月25日開催予定)
- ・鹿児島大学 (2016年1月26日-27日開催予定)

# AJACSadvanced

DBCLS主催のハンズオン講習会 (AJACSadvanced)もあり。大規模な講習会ではアリエマセンが、①Galaxy、DDBJパイプライン、BaseSpaceなどLinuxフリーなNGS解析戦略もあります



2015/01/19

## 統合データベース講習会AJACSadvanced(AJACSa)三島

[ホーム](#) > [イベント](#) > [統合データベース講習会AJACSadvanced\(AJACSa\)三島開催のお知らせ](#)

ライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS)は、2014年4月より国立遺伝学研究所(遺伝研)内にて

「三島ラボ」を構え活動しています。昨年10月に

DBCLS三島ラボが入居しました。そのこけら落

催する運びとなりました。この講習会では、主に

講習会AJACS (<http://events.biosciencedbc.jp>)

開発している各種ツールやデータベース(CRISPR

戦的な使い方についてハンズオンで実習します。

ます。終了後には、新しいラボのお披露目も兼ね

日時: 2015年1月27日(火) 10:00-17:00 場所

<http://www.nig.ac.jp/about/map.html>

センターについて

研究開発

サービス

イベント

メンバー

アクセス

お問い合わせ



Search

### 午前の部

10:00-10:30 統合データベースとDBCLSとは? 坊農 秀雅 (DBCLS)

10:30-11:00 DDBJ 中村 保一 (DDBJ)

11:00-11:40 FANTOM5データの再利用法 粕川 雄也 (RIKEN CLST)

### 午後の部

13:00-13:50 NGSデータベース検索 仲里 猛留 (DBCLS)

13:50-14:40 遺伝子発現データ解析 小野 浩雅 (DBCLS)

14:40-15:00 休憩(+スパコン見学)

15:00-15:50 CRISPR/Cas9ターゲット配列設計 内藤 雄樹 (DBCLS)

15:50-16:40 galaxyによるNGS解析 大田 達郎 (DBCLS)

16:40-17:00 休憩



# DDBJing講習会

 **DDBJ**  
DNA Data Bank of Japan

Google™ カスタム検索

[DDBJ の紹介](#) | [利用の手引き](#) | [レポート・統計](#) | [FAQ](#) | [お問い合わせ](#)

HOME > 利用の手引き > DDBJing 講習会

最終更新日：2015.6.15.

## DDBJing 講習会

次回の DDBJing 講習会は、2015年秋頃に開催予定です。

### DDBJing 講習会とは？

DDBJ では、DDBJ が提供する様々なサービスを使っていただくことを "DDBJing" と表現し、DDBJ をより有効に活用して頂くために「DDBJing 講習会」を開催しています。

### 講習会の内容

#### ■ 講義

これまでの講習会では、以下の様な内容を取り上げて講義を行いました。今後も様々な内容で講義を行い、最新の情報を皆様にお知らせする予定です。

#### ※ データの登録方法

塩基配列データ・次世代シーケンサ出力データなどの登録方法について

- DDBJ Nucleotide Sequence Submission System
- Mass Submission System (MSS)
- DDBJ Sequence Read Archive (DRA)
- DDBJ BioProject Database
- DDBJ BioSample Database
- Japanese Genotype-phenotype Archive (JGA)



#### ※ 次世代シーケンサ出力データの解析用ツールの紹介と実習

DDBJの講習会(workshop)は2015年6月12日にあったようです。このような講習会を通じて最新情報入手。スパコン利用講習会もたしかこの枠組みで行われていたと思います。「NGSハンズオン講習会」で得た一通りのスキルで、スパコン上での解析マニュアルをある程度解読できると期待されます。



共催機関(HPCI人材養成プログラム)ともうまく  
 負荷分散。URLなどはイチイチ示しません。  
 自分でググってどうにかたどり着きましょう。

HPCI 戦略プログラム 分野 1 代表機関 国立研究開発法人 理化学研究所  
**「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**  
 実施機関 国立研究開発法人 産業技術総合研究所 創薬基盤研究部門

- top
- outline
- seminar
- workshop
- tutorial ①**
- e-learning
- links
- contact
- faq

## 講習会

### 2015年度 HPCI 講習会

#### 2015年度 講習会

産総研 生命工学領域 創薬基盤研究部門では、2011年度より生命情報工学研究センター、ゲノム情報研究センターが実施してきたHPCI人材養成事業を継続してまいります。2001年設立生命情報科学センター以来、研究活動だけでなく人材養成にも注力し、この間に培ってきたノウハウを活かして毎年カリキュラム構成を見直し、初心者にもわかりやすく丁寧な実指導付きの講習会を開催してまいりました。実習には1人1台備付けPC(Windows7)を使用します。講師は産総研の研究者はじめ、第一線の研究者が務めます。

開設コース ②	創薬インフォマティクス実習コース バイオインフォマティクス実習コース HPCI チュートリアルセミナー
お問い合わせ	contactページよりお願いいたします ※お申し込みは各講座の紹介ページ

パンフレット (2015年度版) >> ダウンロード

● **バイオインフォマティクス実習コース**  
 - バイオインフォマティクスの基礎知識・実践技術を短期間で  
 第一線の研究者が講師として、バイオ情報取り扱いの基礎理  
 に指導します。計算機実習は1人1台の PC (Windows7) を  
 備付けたカリキュラムで、バイオインフォマティクスの全容を

#### ● バイオインフォマティクス実習コース

- バイオインフォマティクスの基礎知識・実践技術を短期間に習得 -

第一線の研究者が講師として、バイオ情報取り扱いの基礎理論から実際の解析研究までをテーマごとに指導します。計算機実習は1人1台の PC (Windows7) を利用し、講義と実習をバランスよく取り混ぜたカリキュラムで、バイオインフォマティクスの全容をつかむのに最適です。各単元は1日単位で講義・実習を行い、受講を希望するものだけを選択することができます。(受講に際し、前提となる知識や技術を設定した受講要件があります。最少催行人員 2人)

本コースのカリキュラムは、これまで当センターで実施してきた生命情報科学技術者養成コース バイオインフォマティクス速習コースII、生命情報科学人材養成コンソーシアム バイオインフォマティクス実習コースのカリキュラムを元に企画し直しました。

大量の配列データも怖くない!! Windows上の Linux 環境で高速・簡単に配列データ解析

A-1	Linux, Perl基礎		2015年9月18日(金)
A-2	配列解析1	ChIP-seqデータ解析およびENCODEプロジェクトなどによる既存のデータの活用	2015年9月30日(水)午後 -10月1日(木)
		LASTIによるさまざまな配列解析	2015年10月2日(金)
A-3	配列解析2	配列モチーフ探索	2015年10月15日(金)

フリーウェア 統計解析パッケージ R を使った NGS データ解析を基礎から学ぶ

B-1	R基礎		2016年3月2日(水)
B-2	Rで塩基配列解析: ゲノム解析からトランスクリプトーム解析まで		2016年3月3-4日(木,金)
B-3	多変量データ解析/遺伝子ネットワーク解析		2016年3月10-11日(木,金)

# 実施体制

## ■ 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、講義補助 (TAとビデオ撮影)、追跡調査。
  - 担当: 白鳥、佐藤、舘澤、眞後、三橋、大波、川嶋、宮崎、櫛田、信定、佐久間、森、高田
- 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
  - 講習会全体統括、講師の選定、インフラ、実習用PCの環境構築、講義実施および補助
  - 担当: 門田、寺田、三浦、清水

## ■ 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 (ウェブページ) 全般、広報。
  - 担当: 寺田
- 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)
  - 講義補助 (TA)、講義映像編集および統合TVでの公開業務全般。
  - 担当: 大田、小野

122名の応募。8/26-28も開催することにより...。7/10時点で3名キャンセル→119名。

# 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
- **受講対象**: 学生・社会人問わず可能
- **募集人数**: 30名程度(最大80名程度)
- **応募状況**:
  - ウェブサイト公開: 4月15日
  - 受講申込: 4月20日-5月15日
  - 申込推移: 26名(4/20)、56名(4/25)、60名(4/30)、70名(5/5)、92名(5/10)、122名(5/15)
- **受講申込者122名の内訳**
  - 所属: 大学: 91名(東大55名)、研究所: 16名、企業: 15名
  - 年齢: 20代: 58名、30代: 37名、40代: 19名、50代以上: 8名
  - 実習PC環境: Windows 58名、Macintosh 35名、貸与希望 35名





# 受講人数

部分受講可にしたので全員が全ての項目を受講するわけではない。概ね8掛け。最も受講希望の多かった8/3-5の項目(111名、108名、111名)を8/26-28を予備日に開催することで、若干ゆとりをもたせた。このあたりはNGS解析分野の需要的に妥当。

- 7月22日(水):84名。Bio-Linux 8とRのインストール状況確認。基本自習(門田・寺田 透先生)
- 7月23日(木):92名。Linux基礎。LinuxコマンドなどUNIXの基礎の理解(門田)
- 7月24日(金):85名。スクリプト言語。シェルスクリプト(アメリエフ株式会社 服部恵美先生)
- 7月27日(月):93名。スクリプト言語。Perl(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月28日(火):91名。スクリプト言語。Python(アメリエフ 服部恵美先生)
- 7月29日(水):94名。データ解析環境R(門田)
- 7月30日(木):96名。データ解析環境R(門田)
- 8月3日(月):89名。NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月4日(火):85名。NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月5日(水):86名。NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリエフ 山口先生、後半:門田)
- 8月6日(木):104名。NGS解析。ChIP-seq(理研 森岡勝樹先生)
- 8月26日(水):23名。NGS解析。基礎(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月27日(木):24名。NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリエフ 山口昌雄先生)
- 8月28日(金):26名。NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリエフ 山口先生、後半:門田)

# オブザーバー(TA)制度など

## ■ 平成26年度(NGS速習コース)

- 9名のガチ公募TAの方が優秀で非常にうまく機能
- TA以外にも全日程受講者のみでの開催だったため、Linuxは使えるなどの既知項目分野のある一部受講生もTA的に機能

## ■ 平成27年度(NGSハンズオン講習会)

- メインTAのガチ公募結果は2名(爆)。
- メイン受講生で一部TAもごく少数(0~2名がほとんど)。

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

- H27年度ハンズオン講習会でも「#AJACS」のハッシュタグつきでツイートし、情報の共有やその場が出た問題点の解決などにご協力ください。

受講生の要望に応じて「全日程受講→部分受講OK」に切り替えたこともある程度影響しているのでしょう。原著論文で評価される世の中です。必要な情報のみ効率的に収集して自身の研究に役立てるという方針で正しいと思います。

# 受講生の心構え

予習をきっちりやりましょう。このウェブページが見つらいというヒトも一定の割合にいるとは思いますが、きれいに整形するなどのゆとりは全くありませんので、慣れ以外にはありません。見栄えよりも情報量重視です。

## (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 2015/07/08, since 2010)

### What's new?

- このウェブページに従ってフリーソフトの**基本的な利用法的にまとめた書籍**
- 「解析 | 発現変動」の**参考資料(講義)**
- R ver. 3.2.0 (Gen

- [基本的な利用法](#) (last modified 2015/04/03)
- [サンプルデータ](#) (last modified 2015/06/15) **NEW**
- [バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム\(次世代シーケンサ\) | \[NGSハンズオン講習会2015\]\(#\)](#) (last modified 2015/07/08)
- [バイオインフォマティクス人材育成カリキュラム\(次世代シーケンサ\) | \[速習コース2014\]\(#\)](#) (last modified 2014/05/12)
- [書籍 | \[トランスクリプトーム解析\]\(#\) | \[トランスクリプトーム解析について\]\(#\)](#) (last modified 2014/05/12)
- [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)
- [書籍 | \[トランスクリプトーム解析\]\(#\) | \[2.3.2 リファレンス配列\]\(#\)](#) (last modified 2014/04/16)
- [書籍 | \[トランスクリプトーム解析\]\(#\) | \[2.3.3 アセンブリ\]\(#\)](#)
- [書籍 | \[トランスクリプトーム解析\]\(#\) | \[2.3.4 マルチオミクス\]\(#\)](#)
- [書籍 | \[トランスクリプトーム解析\]\(#\) | \[2.3.5 マルチオミクス\]\(#\)](#)
- [書籍 | \[トランスクリプトーム解析\]\(#\) | \[2.3.6 力\]\(#\)](#)
- [書籍 | \[トランスクリプトーム解析\]\(#\) | \[3.3.1 船\]\(#\)](#)
- [書籍 | \[トランスクリプトーム解析\]\(#\) | \[3.3.2 テ\]\(#\)](#)
- [書籍 | \[トランスクリプトーム解析\]\(#\) | \[3.3.3 ク\]\(#\)](#)
- [書籍 | \[トランスクリプトーム解析\]\(#\) | \[2.3.4 船\]\(#\)](#)



## 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) | NGSハンズオン講習会2015 **NEW**

NGSハンズオン講習会を2015年7月22日-8月6日の11日間で実施します。ボランティアの講義補助要員(TA)は[申込み受付サイト](#)でTAのみ7月10日まで募集しています。予定通り受講申込多数のため、予備日(8月26日、27日、28日)も実施することになっています。但し、5月15日までに受講申込をしたヒト内での振分けのみです(追加募集はしていません)。

はじめに(全員目を通しておきましょう)

- 講習会期間中アグリバイオノートPCを借りるヒトは、7/22の動作確認作業自体は行う必要は基本的にありません。しかし、7/22のところに列挙した項目の予習は必須です。「[エアーハンズオン](#)」をするなりしてチェックリスト項目をクリアしておきましょう。
- 平成26年度開催の[NGS速習コース](#)関係
  - [報告書PDF](#)(h26\_ngs\_report.pdf; 約4MB)  
概要、スケジュール、アンケート結果、受講生のコメントなどを見られます。
  - [報告プレゼン資料](#)(20150126\_kadota.pdf; 約1MB)  
報告書PDFの短縮版のようなものです。Twitterやっているヒトは、ハッシュタグ [#AJACS](#) をつけて平成27年度も有効利用してください。
- 平成27年度開催のNGSハンズオン講習会関係
  - 前座プレゼン資料

# 受講生の心構え

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) | NGSハンズオン講習会2015 **NEW**

NGSハンズオン講習会を2015年7月22日-8月6日の11日間で実施します。ボランティアの講義補助要員(TA)は[申込み受付サイト](#)でTAのみ7月10日まで募集しています。予定通り受講申込多数のため、予備日(8月26日、27日、28日)も実施することになってい

はじめに(全員目を通しておきましょう)

- ・講習会期間中アグリバイオノートPCを借り本的にありません。しかし、7/22のところに「[リンク](#)」をするなりしてチェックリスト項目をクリア
- ・平成26年度開催のNGS速習コース関係
  - [報告書PDF](#)(h26\_ngs\_report.pdf; 約4M) 概要、スケジュール、アンケート結果、
  - [報告プレゼン資料](#)(20150126\_kadota;) 報告書PDFの短縮版のようなもので、つけて平成27年度も有効利用してくだ
- ・平成27年度開催のNGSハンズオン講習会関係
  - [前座プレゼン資料](#)

7/22のところに書いてある「Bio-Linux 8とR」のチェックリストをクリアしていれば、「Linux基礎とR基礎」の項目はクリアしたのとほぼ同じ。

## 2015年7月22日(2015.07.22): Bio-Linux 8とRのインストール状況確認(門田幸二、寺田 透)

[書籍「日本乳酸菌学会誌」](#)についてで示した通りのPC環境を構築しておきましょう。連載第1-3回、および第4回のウェブ資料W6-5までの予習は必須です。Rについても同様です。一週間程度はきちり時間をかけて予習しておきましょう。7/22は、以下に示すようなことができる(わかる)ようになっていることの確認を自分でしてもらう日です。門田自身全てを完全に把握しているわけではありませんし、ウェブ資料のページ数も膨大ですので、どこにどういうことが書かれていたかの全体像の俯瞰やチェックリストという位置づけでもあります(頻繁に更新しているのでときどきリロードしましょう)：

### ・ Bio-Linux 8

1. (第4回だけでなく第2-3回のウェブ資料PDFにも目を通して)
2. ゲスト OS、ホスト OSなどと言われてうろたえない(第1回)
3. Linux環境では、一般にダブルクリックでソフトウェアのインストールはしない(第1回)
4. Perl, Ruby, Pythonはプログラミング言語である(第1回)
5. 「円(yen)マーク」と「バックスラッシュ」の違いは見栄えの問題であり、文字コードとしては同じなので気にしない(第2回)
6. コマンドとオプションの間には「スペース」が入るものだ(第2回)
7. (.どと)から始まるファイル名のもの(の多く)は、環境設定ファイルである(第2回)
8. 全角文字をコマンドとして打ち込むのは非常識である(第2回)
9. ファイルの拡張子は常識的に使う。例えばFASTQ形式ファイルの拡張子を.fastaや.faなどにしない(第2回)
10. 「Tabキーによる補完」、「上下左右の矢印キー」を駆使して効率的にコマンドを打てるようになっている(第2回)
11. リダイレクトやパイプを含むコマンドを眺めて、何をやっているものかが大体わかるようになっている(第2回)
12. Bio-Linuxの左側の引き出しみたいなアイコンまたはターミナル上で、ホスト <-> ゲスト間のファイルのやり取りが自在にできる(第3回)

# NGSハンズオン講習会

「Linux基礎とR基礎」の項目とは、このことです。準備不足の受講生も、講習会ではもちろん手助けしますが、準備をきっちりやってきた受講生が最大限の恩恵を受けられるような性善説にたった講習会を目指します！世の中にはいろんなヒトがいます。「TAとして受講」にしていない項目でも、できた受講生はできるだけTAとして笑顔で振る舞い、講習内容を円滑に進められるようご協力をお願いします。

- 7月22日(水): Bio-Linux 8とRのインストール状況確認
- 7月23日(木): Linux基礎。(門田)
- 7月24日(金): スクリプト言語。シェルスクリプト(アメリカン)
- 7月27日(月): スクリプト言語。Perl(アメリカン 服部恵)
- 7月28日(火): スクリプト言語。Python(アメリカン 服部恵)
- 7月29日(水): データ解析環境R(門田)
- 7月30日(木): データ解析環境R(門田)
  
- 8月3日(月): NGS解析。基礎(アメリカン 山口昌雄先生)
- 8月4日(火): NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリカン 山口昌雄先生)
- 8月5日(水): NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリカン 山口先生、後半:門田)
- 8月6日(木): NGS解析。ChIP-seq(理研 森岡勝樹先生)
  
- 8月26日(水): NGS解析。基礎(アメリカン 山口昌雄先生)
- 8月27日(木): NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリカン 山口昌雄先生)
- 8月28日(金): NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリカン 山口先生、後半:門田)



# NGSハンズオン講習会

- 7月22日(水): Bio-Linux 8とRのインストール状況確認
- 7月23日(木): Linux基礎。(門田)
- 7月24日(金): スクリプト言語。シェルスクリプト(アメリカエフ)
- 7月27日(月): スクリプト言語。Perl(アメリカエフ 服部恵)
- 7月28日(火): スクリプト言語。Python(アメリカエフ 服部)
- 7月29日(水): データ解析環境R(門田)
- 7月30日(木): データ解析環境R(門田)
  
- 8月3日(月): NGS解析。基礎(アメリカエフ 山口昌雄先生) ①
- 8月4日(火): NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリカエフ 山口昌雄先生)
- 8月5日(水): NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリカエフ 山口先生、後半:門田)
- 8月6日(木): NGS解析。ChIP-seq(理研 森岡勝樹先生)
  
- 8月26日(水): NGS解析。基礎(アメリカエフ 山口昌雄先生)
- 8月27日(木): NGS解析。ゲノムReseq、変異解析(アメリカエフ 山口昌雄先生)
- 8月28日(金): NGS解析。RNA-seq、統計解析(前半:アメリカエフ 山口先生、後半:門田)

①アメリカエフの山口先生には「昨年度プラスアルファの内容」でお願いしています。話の展開上、8/3以前の門田のところ(7/23や7/30あたり)で山口先生担当部分に門田が勝手に割り込む可能性があります。H27年度は部分受講可能にしていること、これを作成している7/9時点でまだ講義資料を全く作成できていない状況からどうなるかはわかりませんが、できるだけH26年度受講生の要望を踏まえた内容にできればと思っていますので、多少の講義内容の重複はご笑講くださいm(\_ \_)m



# 受講生の心構え

## ■ 部分受講を認めているがゆえに...

- 7/23に、それ以降で使用予定のプログラムインストールなどを行います。また、それ以外でも例えば8/5後半の統計解析部分は、7/29-30のRを受講したことを前提とした講義内容にする可能性があります。
- したがって、(なるべく主催側も善処はしますが)講習会後半のみの受講生は特に、「それ以前の講習内容を理解済みである」という前提で講義が進むという覚悟をしておいてください。いついつまでに講義資料をアップする的なことは確定的なことは何も言えません。
- 全ての講義内容が固まってから「はい募集しますよ」的な悠長な分野ではありません。ググればいくらでもアップデート情報が見つかる分野です。講師が勘違いしていることや若干古い情報もあるでしょう。講師は神様ではありません。

なるべく受講生の要望に応えるよう努力はしていますが限界や弊害もいろいろとあるものです。権利と義務、的な話です。

冷房を効かせるのでかなり寒いです！パーカー程度の比較的厚手の羽織るものを持ってきておいたほうがいいですよ。中列の両サイドあたりは寒いです。前方列中央あたりはそれほど寒くありません。

# 受講生の心構え

## ■ 受講初日

- 座席を確保した上で、出席名簿に○を付け、スタッフから名札をもらってください。また、貸与PC希望の方はその旨お伝えください。
- ずっと同じ席に座りたい場合は、帰る前に名札を机の上に置いておきましょう。

## ■ 座席は基本自由

- 好きなところに座ってください。昨年度の下記講習会写真と同じような感じになると思います。



# 受講生の心構え

## ■ PCや携帯・スマホの充電

- 机1つ分につき、ACタップを1つ配置する予定です。電源容量的な観点から、講習会時間の半分程度の時間を目安にランダムに充電してください。概ね4時間程度分は電源を指しておいて構いません。PC、携帯、スマホなど、全部込みです。つまり、PCのみの充電なら4時間程度使っただけですが、携帯やスマホなども充電したい場合はその分を差し引いて使ってください。

足を引っかけたり引っかけられたりすることがあります。充分注意しましょう。充電は講義中のみにして休み時間になったら抜いておくというのがいいかもしれません。主催機関・共催機関はこのあたりのトラブルには関与しません。



# 受講生の心構え

## ■ 質問を切り分けよう

- 全体にとって有益だと思われる講師への質問(前向きで挙手)と、動作確認程度のTAへの質問(後ろ向きで挙手)
- 前向き挙手もためらわずに、マイクを使って大きな声で。スクリーン下部が見えづらいとか講師の声が小さいなどは遠慮なく突っ込んでください(笑)
- 主催・共催側からのTAも複数います。遠慮なく手を挙げて有意義な時間を過ごそう。

## ■ PC関連

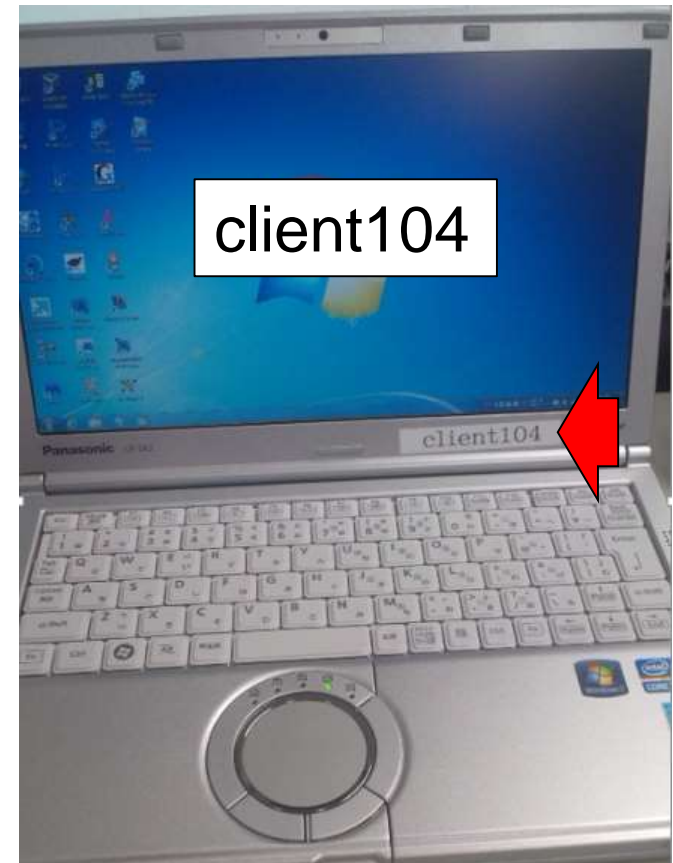
- 仮想環境のフリーズや、正しいコマンドを打ち込んでもうまく動作しないなどの理不尽なことは数多く起こります。WinではうまくいくがMacではうまくいかない、Rのバージョンがちょっと古いだけでエラーが出るなどです。そんなものだというを実感し、どう対処するかを学ぶことも本講習会の目標の一つです。
- 上記に関連して、講師の動作環境の結果が全てではありません。64bitマシンではうまくいくが32bitマシンではうまくいかないこともあるでしょう。講師側には全ての可能性を考慮して動作確認する義務はありません(っていうかそんなの無理です)。
- したがって、エラーなく動作したことを確認することはそれなりに重要ですが、エラーが起こったヒトのPC画面を見て何が起きているかの経験値を積むことも非常に重要です。その場では解決できないかもしれませんが、エラーメッセージでググるなどして対処法を見つけたら門田にメールするか#AJACSでつぶやくなどして情報共有に努めてください。
- 「PC貸与希望」していなくても、動作確認用にノートPCを貸し出します(講義室での利用のみ)
- 貸与PCで勝手な設定変更禁止！Windows10へのアップグレード禁止！



# 受講生の心構え

## ■ PC関連(続き)

- 無線LANはiu-net2, iu-net3, iu-net4のどれでも好きなものをどうぞ。ネットワークキーはスタッフに聞いてください。
- 貸与PCは翌日も受講するヒトは、机の上に置いておいてかまいません。もう帰るヒトは後ろにいるスタッフにノートPCを返してください。
- 貸与PCのログインパスワードは赤矢印部分のclientXXやiupcXXです。スペルミスに注意。



# 受講生の心構え

## ■ R関連(もちろん受講生のみ)

- 貸与PCには、R ver. 3.1.2, 3.1.3, 3.2.0, 3.2.1あたりがインストールされています。
- 3.2.0以降では動くが3.1.2では動かないものなど、いろいろなものが存在します。
- 貸与PCでインストールに失敗したパッケージなどもあるでしょう。そういう場合は、別のバージョンのものを起動して試すなどすれば、うまくいく場合があります。試してみてください。
- 持込みPCでインストールにこけていたことが判明したパッケージもあるでしょう。そういう場合は、遠慮なく後ろ向きで手を挙げてアグリバイオPCを借りて動作確認しながら実習を継続してください。7/14現在で貸与希望者は36名ですが、7/22までのPC環境構築済みの貸与可能PCは66台です。多分足りるはずw

## ■ その他(全員)

- 東大アグリバイオの無線LAN利用時は講習会に関係のないサイトへのアクセスは禁止！





# 受講者アンケートへのご協力をお願いします！

- 本講習会お申込いただく際に、受講必須条件としてお願いしておりました「受講者アンケート」へのご協力を宜しくお願い致します。
- この受講者アンケートは、講習会終了時の受講生の課題、講義内容に関する課題、講習会運営に対する改善点等を明らかにし、次回の講習会に活かすことを目的としたものです。
- 受講者の方々からいただく、本講習会に関する感想、ご要望、ご意見等は、今後のカリキュラムのブラッシュアップやNBDCが開催する講習会の運営に活用させていただきます。  
ご協力のほど、何卒、宜しくお願い致します。

- ○アンケート回答期間

平成27年7月22日(水)～9月11日(金)

- ○公開URL

[https://form.jst.go.jp/s/enquetes/nbdc\\_h27ngshands-on\\_participants-questionnaire](https://form.jst.go.jp/s/enquetes/nbdc_h27ngshands-on_participants-questionnaire)

\* 後日、メールにてご連絡いたします 認証ID および PW を入力してご回答下さい。

- ○お問い合わせ

この受講者アンケートに関するお問い合わせは、NGS@biosciencedbc.jpまでお願いします。