

国立研究開発法人科学技術振興機構

ライフサイエンスデータベース統合推進事業

## 平成 29 年度共同研究実施報告書

代表者 門田幸二

(東京大学 大学院農学生命科学研究科 特任准教授)

## 概要

近年の次世代シーケンサ（NGS）解析技術の飛躍的な発展は、ライフサイエンス分野におけるデータ量の急増を生み、データの整備や活用がボトルネックとなっている。研究現場では、NGSデータを自在に解析できるバイオインフォマティクス人材が求められている。これらの状況を踏まえ、バイオサイエンスデータベースセンター（NBDC）運営委員会 人材育成分科会では、平成 25 年度に NGS を利用した様々な研究目的に対応可能な人材を効率的に育成するためのカリキュラム (<https://biosciencedbc.jp/gadget/chousa/generation-sequencer.pdf>) の策定が行われた。この NGS 用カリキュラムは、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」に分かれている。平成 26 年度には「速習」コースが試行的に実施され、平成 27 年度および 28 年度にはその試行実施結果や前年度の実施結果を踏まえた改善を行い、ハンズオンに特化したより効果的な NGS ハンズオン講習会が実施された。

本共同研究では、これまでの実施結果を踏まえ、NBDC と連携してより高度な NGS 解析の内容を取り入れた NGS ハンズオン講習会の実施およびフォローアップを行い、受講者アンケート等によりその有効性を検証する。これらの活動を通じて、NGS データの解析において必要な人材の育成に資する教材の整備・充実や公開および知識の共有を目指す。

## 1. 実施体制およびスケジュール

本研究では、NGS解析に特化したバイオインフォマティクス人材育成を目的として、NGSハンズオン講習会の実施およびフォローアップを行う。

グループ名	研究代表者氏名	所属機関・部署・役職名	研究題目
東京大学	門田幸二	東京大学・大学院農学生命科学研究科・特任准教授	次世代シーケンサ解析に特化したバイオインフォマティクスハンズオン講習会の実施およびフォローアップ

全体スケジュールは以下の通りである。

研究項目	H29年度
1) NGSハンズオン講習会 ・講師の選定、講義内容の検討など ・講習会実施(8/28～9/1)	
2) フォローアップ ・受講後の質疑応答	

## 2. 実施内容及び結果

### 2-1. 実施概要

本講習会は、これまでの講習会実施結果を踏まえ、以下の日時及び体制で実施した（表1）。

実施日	実施時間	項目	形式	講師（所属）
8月28日	10:30-18:15	PC環境の構築（Bio-Linux 8とRのインストール状況確認）	自習	主催・共催機関
8月29日	10:30-12:00	ゲノムアセンブリ後の各種解析	実習	門田幸二（東大）
	13:00-15:00	NBDC・DBCLSの各種サービス	講義 実習	箕輪真理（NBDC） 小野浩雅（DBCLS） 仲里猛留（DBCLS）
	15:00-18:15	ゲノムアセンブリ後の各種解析	実習	門田幸二（東大）
8月30日	10:30-18:15	ゲノムアセンブリ後の各種解析	実習	門田幸二（東大）
8月31日	10:30-18:15	メタゲノム解析	実習	森 宙史（NIG）
9月1日	10:30-18:15	Hi-C解析	実習	東 光一（NIG）

表1. 講習会概要。

## 2-2. 実施体制

本講習会は、東京大学、先進ゲノム解析研究推進プラットフォームおよびJST-NBDCの3つの機関による主催として実施した。また、DBCLSが共催として参画した。具体的な各機関の担当業務は表2の通りである。世話人は、主催期間2の黒川颯先生と研究代表者の2名とし、これまで同様、東京大学農学部2号館2階第一講義室を会場として実施した。

主催機関1	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教育研究ユニット
担当業務	ソフトウェアインストール作業、講義実施および補助、フォローアップ
参考URL	<a href="http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#bioinfo_ngo_sokushu_2017">http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r_seq.html#bioinfo_ngo_sokushu_2017</a>
主催機関2	文部科学省科学研究費助成事業「新学術領域研究『学術研究支援基盤形成』」 先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム
担当業務	講師の選定、具体的な講義内容の検討、講義実施および補助
参考URL	<a href="http://www.genome-sci.jp/">http://www.genome-sci.jp/</a>
主催機関3	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）
担当業務	NGSハンズオン講習会の統括、企画・推進、受講申込受付業務全般、講義実施および補助（ビデオ撮影）、受講者アンケートの実施、ポータルサイトの構築、フォローアップ、受講者への追跡調査
参考URL	<a href="https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop/h29">https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop/h29</a>
共催機関	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（DBCLS）
担当業務	講義の実施、講義補助、統合TV

表2. 講習会実施体制。

### 2-3. 受講申込者数および推定出席者数

受講対象は学生・社会人を問わず受講可とし、受講必須条件は平成 28 年度と同じとした。詳細については、講習会用ウェブサイト (<https://biosciencedbc.jp/human/human-resources/workshop/h29>) に記載の通りである。受講申込受付は 5 月 15 日より開始し、ウェブサイトやメーリングリストなどで告知を行った。募集人数は、平成 26~28 年度は 30 名程度（応募者多数の場合、最大 80 名程度まで）としたが、毎回定員を大幅に超える多数の応募があったため、今回は 50 名程度とした。また実施内容のレベルやサポートスタッフの体制を考慮し、定員を上回る応募があった場合は主催者が定める方式により抽選・調整する可能性があることを明記した。受講申し込み期間は、5 月 15 日 14 時~6 月 23 日 12 時とし、先着順ではない旨を明記した。

申込数の推移は、5 日ごとに 25 名 (5/15-19)、9 名 (5/20-24)、8 名 (5/25-29)、8 名 (5/30-6/3)、10 名 (6/3-8)、10 名 (6/9-13)、11 名 (6/14-18)、15 名 (6/19-23) で、締め切り時点での受講希望者数は 96 名となった。表 3 は、項目ごとの受講希望者数の内訳と、講習会当日の推定受講者数を示したものである。「締切時点の受講希望者数」は、6/23 の申込み締め切り時点での結果である。最も希望者が多かったのは最終日 (Hi-C 解析) の 93 名であり、平均して 88.4 名の希望者数であった。

受講許可者の選抜は抽選で行い、65 名の受講を認めた。このうち、事前の受講キャンセルが 5 名出たため、開講時の受講許可人数は 60 名となった。受講許可人数の左側の列 (キャンセル反映前) は、受講を許可した 65 名中何名がどの日程の受講を希望していたかを表すものである。受講許可人数の右側の列 (キャンセル反映後) は、基本的に事前の受講キャンセル 5 名分を反映した 60 名中の人数を表したものである。但し、締切時点から実施当日までの期間内でも、受講許可者による一部日程の追加キャンセルがある。このため、受講許可人数欄のキャンセル反映前後の人数の差が 5 名よりも多くなる項目があるのは致し方ない。

講習会終了後のアンケートは、キャンセル反映後の 60 名を対象とし、55 名から回答を得た。「アンケート結果の数」は、7. アンケート結果の表 6 (理解度に関する感想; 後述) において、①そう思う、②ややそう思う、③どちらとも言えない、④あまりそう思わない、⑤そう思わないの合計数を示したものである (⑥受講していないを除く)。したがって、最右端のアンケート結果の数が (アンケート未回答の 5 名を除いた) 推定出席者数となる。

実施日	項目	締切時点の受講希望者数 (最大96名)	受講許可人数		アンケート結果の数 (最大55名)
			キャンセル反映前 (最大65名)	キャンセル反映後 (最大60名)	
8月28日	予習内容および各種動作確認	78	50	48	45
8月29日	ゲノムアセンブリ後の各種解析	89	60	55	52
8月30日		91	62	57	52
8月31日	メタゲノム解析	91	63	56	49

9月1日	Hi-C解析	93	62	54	47
------	--------	----	----	----	----

表 3. 実施日ごとの受講希望者数、許可者数、および推定出席者数。

総受講希望者数 96 名の各種内訳は、表 4 の通りである。関東在住の受講者が約 8 割を占めた。研究分野（複数選択可）は、生物学・医歯薬学・農学が多数を占めた。職種は、学生が 33 名、ポスドク・研究員が 28 名、助教・講師が 8 名であった。所属は、大学関係が 64 名と最も多く、東京大学が 21 名を占めていた。東京大学の内訳としては、医歯薬学系が 15 名、生物学系が 8 名、農学系が 3 名、情報学系が 1 名、その他が 1 名であった（複数選択可）。

住所	東京：48名、神奈川：15名、茨城：6名、京都：5名、埼玉：3名、千葉：3名、北海道：2名、静岡：2名、滋賀：2名、岩手・山形・石川・三重・大阪・兵庫・岡山・福岡・熊本・沖縄が各1名
研究分野（複数回答可）	生物学（総合生物学3名を含む）：54名、医歯薬学：47名、農学：18名、情報学：8名、理工学：4名、その他：5名
職種	学生（大学院生を含む）：33名、研究員：18名、ポスドク：10名、講師・助教：8名、主任研究員：2名、教授・准教授：2名、研究支援員（データ解析等）：6名、研究支援員（実験・技術等）：6名、その他：11名
所属	大学：64名、企業：16名、国公立研究所：6名、独法：5名、公益：2名、その他：3名
Linux利用経験	時々or頻繁：34名、簡単なコマンドなら知っている：27名、使ったことはあるがよく覚えていない：14名、全く使ったことがない：21名
R利用経験	時々or頻繁：36名、簡単なコマンドなら知っている：27名、使ったことはあるがよく覚えていない：20名、全く使ったことがない：13名
NGS利用経験	時々or頻繁：46名、全く使ったことがない：7名、使ったことはないが近いうちに使用予定：32名、いずれ使用すると思う：11名、今のところ使用予定はない：0名
実習PC環境	Mac持込：29名、Windows持込：36名、アグリバイオPC貸与希望：31名
これまでの受講経験の有無	今回初めて受講する：75名 受講経験あり：21名（平成26年度NGS速習コース講習会：3名、平成27年度NGSハンズオン講習会：7名、平成28年度NGSハンズオン講習会：16名） 複数回受講者（4名）を含むため、受講経験ありのべ人数は26名となる。
本講習会を知った経緯（複数回答可）	NBDCウェブサイト：22名、DBCLSウェブサイト：3名、分子生物学会：2名、アグリバイオインフォマティクス：34名、キーワード検索の結果：15名、メーリングリスト：4名、SNS（Facebook, Twitter等）：7名、友人・知人：26名、その他：10名

表 4. 受講希望者 96 名の各種内訳。

受講希望者 96 名のうち、受講を許可した 60 名（事前に受講をキャンセルした 5 名を除く）の

内訳を表 5 に示す。(灰字：総受講希望者数 96 名に占める人数→黒字：受講を許可した 60 名中の内訳)

住所	東京：48→27名、神奈川：15→11名、茨城：6→3名、京都：5→4名、埼玉：3→2名、千葉：3→2名、北海道：2→1名、静岡：2→2名、滋賀：2→1名、山形・石川・三重・大阪・兵庫・福岡・熊本：各1→1名
研究分野（複数回答可）	生物学（総合生物学3名を含む）：54→39名、医歯薬学：47→30名、農学：18→12名、情報学：8→3名、理工学：4→4名、その他：5→4名
職種	学生（大学院生を含む）：33→19名、研究員：18→15名、ポスドク：10→4名、講師・助教：8→7名、主任研究員：2→2名、教授・准教授：2→2名、研究支援員（データ解析等）：6→2名、研究支援員（実験・技術等）：6→3名、その他：11→6名
所属	大学：64→36名、企業：16→11名、国公立研究所：6→5名、独法：5→4名、公益：2→1名、その他：3→3名
Linux利用経験	時々or頻繁：34→22名、簡単なコマンドなら知っている：27→20名、使ったことはあるがよく覚えていない：14→9名、全く使ったことがない：21→9名
R利用経験	時々or頻繁：36→22名、簡単なコマンドなら知っている：27→16名、使ったことはあるがよく覚えていない：20→14名、全く使ったことがない：13→8名
NGS利用経験	時々or頻繁：46→32名、全く使ったことがない：7→5名、使ったことはないが近いうちに使用予定：32→18名、いずれ使用すると思う：11→5名、今のところ使用予定はない：0→0名
実習PC環境	Mac持込：29→22名、Win持込：36→17名、アグリバイオPC貸与希望：31→21名
これまでの受講経験の有無	今回初めて受講する：75→41名 受講経験あり：21→19名 （平成26年度NGS速習コース講習会：3→3名、平成27年度NGSハンズオン講習会：7→6名、平成28年度NGSハンズオン講習会：16→15名） 複数回受講者（3名）を含むため、受講経験ありのべ人数は24名となる。
本講習会を知った経緯（複数回答可）	NBDCウェブサイト：22→15名、DBCLSウェブサイト：3→1名、分子生物学会：2→0名、アグリバイオインフォマティクス：34→21名、キーワード検索の結果：15→10名、メーリングリスト：4→3名、SNS（Facebook, Twitter等）：7→7名、友人・知人：26→16名、その他：10→6名

表 5. 受講許可者 60 名の各種内訳。



## 2-4. 講習内容

講習会初日（8月28日）は自習、それ以外は全て実習（ハンズオン講義）である。カリキュラムの全体像、講義映像（統合TV）および講義資料は、[NBDCのウェブサイト](#)より公開した。

【日時】2017年8月28日（月）10:30-18:15

【題目】PC環境の構築（Bio-Linux 8のインストール状況確認）

【担当】主催・共催機関

【内容】自習形式。講習会会場を解放し、予習事項の最終確認を各自で行ってもらった。また、持ち込みPCの無線LAN設定などの各種手続きが行われた。受講者滞在時間を概ね2時間単位で区切り、時間帯ごとの来場予定者を把握していたため、混乱はなかった。

予習内容は、VirtualBoxおよびその拡張機能を事前にインストールし、メールで指定されたURLから実習環境設定済みの仮想環境ovaファイルをセットアップしておくこと、ホストOS・ゲストOS間の共有フォルダ設定を行うことであった。8/28の来場段階でその設定ができていない、または環境設定に失敗している受講者に対しては、メールで指定していたのと同じ実習環境設定済みのovaファイルをUSBメモリで渡し、翌日以降の講習を受講可能となるPC環境を構築してもらった。詳細な手順書（[Windows版](#)、[Mac版](#)）を配布し、資料を見ながら自力で行うことを基本とした。本講習会で過去2回行われてきたやり方であったため、午前中の一時的な無線LANの不調以外は、特にトラブルもなく終えることができた。



【日時】 2017年8月29日（火）～8月30日（水）

【題目】 NGS解析：ゲノムアセンブリ後の各種解析

【講師】 門田幸二（東京大学）

【内容】

### 初日（8/29, 10:30-13:00, 15:00-18:15）

日本乳酸菌学会誌の連載「次世代シーケンサーデータの解析手法」第7回後半（ウェブ資料W10～W17）の内容をアレンジして実施。multi-FASTAファイルの配列長順のソート目的でのPythonプログラムの利用。改行コードとファイルサイズの関連に関する解説。Linuxコマンドを利用したmulti-FASTAファイルの分割。FASTQファイルの分割とShortReadパッケージを利用したクオリティスコア分布の描画（Linux環境でのRの利用法のおさらい）。

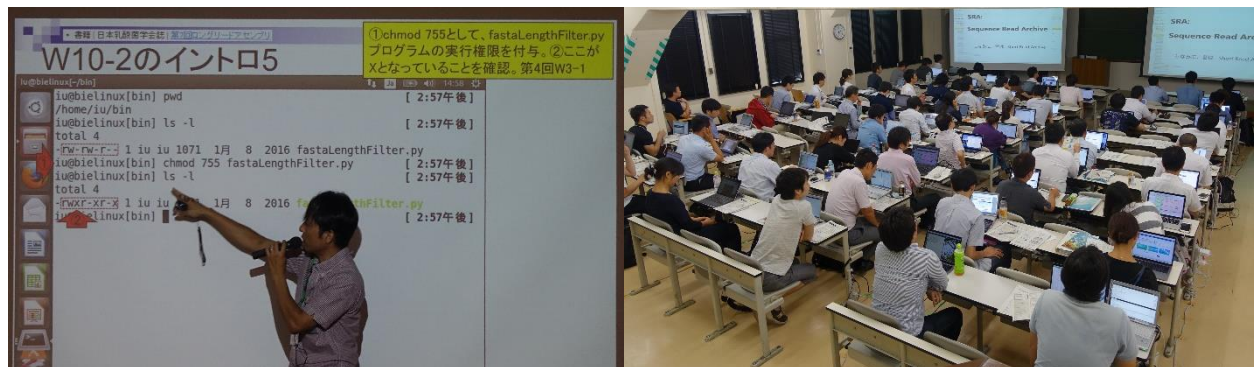
ゲノム解読のfinishing作業の一部としての「環状化」状況の確認と重複する部分の除去。seqnrパッケージを用いた仮想環状ゲノム配列のドットプロット。cutコマンドを用いた重複除去時に、予め1行1配列にしておいた意味とそこご利益を実感。

dotterプログラムを用いた長い配列のドットプロットで、環状化の全体傾向を把握。環状の同一コンティグ同士をデータベース側とquery側にしてBLAST (blastn) を実行し、環状化領域のより正確なアラインメント情報を取得。正確なアラインメントを眺め、切断箇所をクオリティスコア分布と合わせて判断する。両端切断後のコンティグに対し、クオリティスコア分布やdotterを再度実行して確認。

### 2日目（8/30, 10:30-18:15）

日本乳酸菌学会誌の連載「次世代シーケンサーデータの解析手法」第8回の内容をアレンジして実施。ゲノムアノテーション用プログラムDFASTの解説と実行。ドットプロット作成プログラムdotterをsequence4に対して実行。アセンブリ結果の推定染色体ゲノム配列であるsequence1をquery、アセンブリ結果全体であるLH\_hgap.faをデータベース側の配列としてBlastを実行。

BlastViewerでBlast実行結果を概観。復習を兼ねてlessとgrepでも確認。Blast実行結果のsequence1 vs. sequence4を眺めて、sequence4がsequence1の一部であることを確認。BlastとDFASTアノテーション結果を併用してsequence1を詳細に調査。乳酸菌ゲノム概要配列の作成、この後の連載内容（第8回のW12以降と第9-10回の概要）を簡単に説明。シェルスクリプトの講義を兼ねて、第8回のW3を解説。



【日時】 2017年8月29日（火） 13:00-15:00

【題目】 事業紹介：NBDC・DBCLSの各種サービス

【講師】 箕輪真理（NBDC）、小野浩雅（DBCLS）、仲里猛留（DBCLS）

【内容】

NBDC事業およびNBDCが共同研究機関であるDBCLSとともに開発・提供するサービスを紹介。

1. NBDC紹介～NGS関連サービスを中心に（箕輪）

AJACS講習会、生命科学系DBの概要。JSTとNBDC、データ共有の取り組みについて。主なサービス（カタログ、一括検索、データの一括ダウンロード）の紹介。ヒトに関するデータ関連のサービス。その他のサービス例として、4省によるDB統合の取り組みや、データ共有に関する我が国の課題などを解説。

2. 今日から使える便利な生命科学系公共データベース in DBCLS（小野）

統合TVは、生命科学分野の有用なDBやツールの使い方を動画で手取り足取り解説するサービス。新着論文レビューと領域融合レビューは、生命科学の加速度的な発展や研究分野の細分化が進む中、最新の知見・情報を得るのに有用である。そのほか、inMeXes（よく使われる英語表現を容易に検索）、Allie（ある略語についてその正式名称を知る）、diff（テキスト比較ツール）を紹介。GGRNAとGGGenomeは、ある遺伝子について調べるときに有用であり、短い配列でも素早く検索可能。CRISPRdirectは、入力した塩基配列に対してCRISPR/Cas9システムのガイドRNAを設計。RefExは、正常組織や細胞株における遺伝子発現データを提供。

3. 公共NGSデータの検索と登録（仲里）

ライフ系データベースのBLASTとPubMed。研究データと公共データベースとして、SRAとSRA Searchの紹介。SRAの検索として、各公共DBのインターフェースを紹介。DBCLS SRAの紹介。NGSデータ数の推移（目的別、機器別）、論文からの検索、疾患からの検索、生物種からの検索など。SRAへの登録として、DRAへの登録フローの概要を紹介。



【日時】 2017年8月31日（木） 10:30-18:15

【題目】 NGS解析：メタゲノム解析

【講師】 森 宙史（遺伝学研究所）

【内容】

前半は主に講義で、後半が実習。細菌群集を解析するための様々な実験手法を解説。メタ16S解析とメタゲノム解析の長所と短所。PCRに使うプライマーは、系統特異的なものと系統Universalなものに大別される。これらの用途と特徴について。メタ16S解析パイプラインの解説として、Ion PGMリードの前処理、キメラ除去、系統アサインメントの流れを説明。

解析パイプラインとして有名なものはQiimeがあり、利用可能なプラグインやQiime2のドキュメントを紹介。他にはUSEARCH、mothur、MG-RAST、VITCOMIC2がある。論文を書くときはsequence data were analyzed by Qiimeなどと曖昧に書いてはいけない。これらはコマンドの集合体であるため、必ずどのコマンドを使ってどのようなパラメータ設定で何をしたのかまで書くべし！

目的に応じたハードウェアスペックの目安として、少なくとも100GB以上のメモリをのせないと、アセンブルは辛い。また、数千本以上の配列相同性検索や遺伝子アノテーション、複数ゲノムの比較解析目的では、CPU数、コア数が非常に重要で、メモリもある程度必要。リファレンスゲノムへのマッピングを頻繁に行う場合は、ディスクは少なくとも十数TBは必要。

実習で用いるメタゲノムデータ（ERP005989）は、論文（Backhed et al., Cell Host Microb e., 2015）の4 daysの新生児の1サンプルを100万pairにダウンサンプリングしたもの。ヒト乳児腸内細菌群集解析である。配列相同性検索ツールにも様々なものが存在する。リファレンスと近ければbowtie2などのmapper系で、リファレンスと遠ければBlast系。ゲノムアセンブルの2大アルゴリズム（Overlap-Layout-Consensusとde Bruijn Graph）の紹介。メタゲノムアセンブルツールには、IDBA-UD, MEGAHIT, metaSPAdesなどがある。実習ではProkkaというアノテーションツールを利用。最後に、代表的なメタゲノムデータベースをいくつか紹介した。



【日時】 2017年9月1日（金） 10:30-18:15

【題目】 NGS解析：Hi-C解析

【講師】 東 光一（遺伝学研究所）

【内容】

Hi-C解析とは、シーケンシングによって、ゲノムの3次元空間内の立体構造を明らかにする手法。Chromosome Conformation Capture (3C) が、その後次々に登場した3C-based methodすべての基礎となる手法。鍵となるのは、DNAの空間的な近接性は、制限消化された断片間でのライゲーションの生じやすさで測れる、という考え方。これが4C、Hi-Cへとつながり、Hi-Cは全領域 vs. 全領域の近接性を全てシーケンシングで決定するというもの。

Hi-Cデータ解析のゴールの一つは、コンタクトマップ（接触確率行列）の生成。コンタクトマップの見方について説明。Topologically Associated Domains (TADs)という、コンタクトマップの対角線上に沿って、しばしばみられる正方形の形を説明。これは、ヒストン修飾のパターンや複製タイミングなどと強く相関している構造である。Hi-Cデータの応用としては、ハプロタイプフェイジング、ゲノムアセンブリ、メタゲノムが挙げられる。Hi-Cのデメリットとしては、①高い解像度のコンタクトマップを得るためには莫大な量のシーケンスが必要、②集団の平均的構造であること、③原理的に1対1の領域ペアの接触しか観測できない。

Hi-C解析の各種ツールを紹介。データ解析の流れとして、マッピング、フィルタリング、正規化、ピーク検出、TAD検出、3D構造モデリングなど。実習は、FASTQファイルからスタートして、Hi-C解析論文でよく見るコンタクトマップや、染色体3次元構造の構築までを行った。必要な操作は全てPythonスクリプトにまとめてあり、python \*\*.pyと打つだけとした。従って、「ツールの使い方」よりも、Hi-Cデータの特徴や、データ解析で気をつけなければいけない点を理解することに重きが置かれた。



## 2-5. アンケート結果

講習会終了時の受講者の課題、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、今後に生かすことを目的に、NBDC 担当者がアンケート調査を実施した。受講者 60 名を対象とした。調査対象者に対して、アンケート用ウェブページの URL を認証 ID、パスワードとともに配信し、アンケートへの回答依頼を行った。調査期間は、2017 年 9 月 7～25 日であった。最終的に 55 名（回収率 91.7%；未回答者 5 名）から回答を得た。

各講義（項目）についての内容の理解に関するアンケート結果（設問 1～8）を表 6 に示す。「内容を十分理解できたか？」という質問に対し、①そう思う、②ややそう思う、③どちらとも言えない、④あまりそう思わない、⑤そう思わない、⑥受講していない or 事前予習していない、の 6 つの選択肢を用意した。設問 2 に関してのみ、①少ない、②やや少ない、③適量である、④やや多い、⑤多い、⑥事前予習していないである。①がよい結果というわけではないため、参考までに灰色で示した。また、設問 9 の理解しやすかった点（計 38 件）を付録 1 に、設問 10 の理解しづらかった点（計 33 件）を付録 2 に示した。これらは、上記①～⑤の選択肢を選んだ理由について述べられた自由記述欄の生の記載内容である。

設問No.と設問内容	①	②	③	④	⑤	⑥
設問1. 「事前予習」について、内容を十分理解できた	29	20	3	1	0	2
設問2. 「事前予習」について、分量は適量であった	2	5	34	11	1	2
設問3: 「予習内容および各種動作確認（8月28日）」の講義内容を十分理解できた	36	7	2	0	0	10
設問4: 「ゲノムアセンブリ後の各種解析（1日目）（8月29日）」の講義内容を十分理解できた	32	20	0	0	0	3
設問5: 「ゲノムアセンブリ後の各種解析（2日目）（8月30日）」の講義内容を十分理解できた	30	22	0	0	0	3
設問6: 「メタゲノム解析（8月31日）」の講義内容を十分理解できた	13	19	9	8	0	6
設問7: 「Hi-C解析（9月1日）」の講義内容を十分理解できた	9	15	14	7	2	8
設問8: 講義の内容は全体的に理解できた	17	33	5	0	0	0

表 6. 講義内容の理解度に対するアンケート結果。

講義全体についての結果を表 7-1 に示す。計 6 つの設問（設問 11～16）に対し、①そう思う、②ややそう思う、③どちらともいえない、④あまりそう思わない、⑤そう思わないの 5 つの選択肢を用意した。また、設問 11～16 の選択肢を選んだ理由について述べられた結果（計 55 件）を付録 3 に示した。これらは、設問 17 の自由記述欄の生の記載内容である。

設問No.と設問内容	①	②	③	④	⑤
設問11. 興味ある内容が取り上げられた	36	18	1	0	0
設問12. 講義内容の分量は適切であった	39	15	1	0	0
設問13. 講義のレベルは適切であった	30	17	7	1	0

設問No.と設問内容	①	②	③	④	⑤
設問14. 説明の仕方は分かりやすかった	34	14	7	0	0
設問15. 講義の進度や時間配分は適切であった	38	15	0	2	0
設問16. 講義資料などは適切であった	34	15	3	3	0

表 7-1. 講義全体に対するアンケート結果。

講義のサポート方法についての結果（設問 18～19）を**表 7-2**に示す。設問 18～19 の選択肢を選んだ理由について述べられた結果（設問 20；計 55 件の生の記載内容）は、**付録 4**に示した。

設問 No.と設問内容	①	②	③	④	⑤
設問 18. 講義に TA は必要である	37	10	5	3	0
設問19. 講習会の講義資料や講義動画があれば、講習会に参加しなくても良いと思う	0	5	10	24	16

表 7-2. 講義のサポート方法に対するアンケート結果。

講義全体の総合評価についての結果を**表 8**に示す。

設問 No.と設問内容	①	②	③	④	⑤
設問21. 総合的に評価して、あなたはこの講義に満足しましたか	46	8	1	0	0
設問22. この講義で学んだことは今後役に立つ	44	8	3	0	0

表 8. 講義全体の総合評価に対するアンケート結果。

上記以外に、感想、要望、意見や改善提案として、自由記述方式の設問 23～27 および 29 を用意した。設問内容と回答件数、および付録番号との対応関係を**表 9**に示す。

提案	回答件数	付録番号
設問23. NGS解析関連で、講習会として取り上げて欲しいもの	38	<a href="#">付録5</a>
設問24. NGS解析関連以外で、講習会として取り上げて欲しいもの	27	<a href="#">付録6</a>
設問25. ウェブで公開・提供して欲しいバイオインフォマティクス教材	26	<a href="#">付録7</a>
設問26. 本講習会で習得した知見・技術を踏まえ、次に必要または身につけたいと思う知見・技術	28	<a href="#">付録8</a>
設問27. その他の要望、意見や改善提案	20	<a href="#">付録9</a>
設問29. 備考	10	<a href="#">付録10</a>

表 9. 自由記述方式の設問 23～27 および 29、回答件数、および付録番号との対応関係。

### 3. 総評

#### 3-1. 謝辞

本講習会は、平成 26 年度の NGS 速習コース講習会、および平成 27-28 年度の NGS ハンズオン講習会)の結果を踏まえ、これまで含まれなかった内容を中心に実施した。これは主に、主催機関 2 である**先進ゲノム支援**の参画のおかげである。国立遺伝学研究所の黒川顕 先生には、世話人として全体調整・講義内容や講師の選定などで多大なご協力をいただいた。また、実働部隊として、森宙史 先生には 8 月 31 日の「メタゲノム解析」を、そして東光一 先生には 9 月 1 日の「Hi-C 解析」をご担当いただいた。これまでの講習会の枠組みに合わせていただくため、慣れない Bio-Linux 環境での講義をお願いしたが、最新情報をふんだんに盛り込んだ内容にいただいた。研究代表者が担当した「ゲノムアセンブリ後の各種解析」は、日本乳酸菌学会誌の NGS 連載の内容をアレンジして実施した。本来の担当講師としてふさわしいのは、今回の内容部分の筆頭著者である谷澤靖洋 先生である。8 月 29-30 日の内容は、谷澤氏の多大な貢献によるものであることを記しておきたい。国立遺伝学研究所の上記諸氏に深く感謝する。

主催機関 3 である JST-NBDC には、これまで同様、裏方として全面的なサポートをいただいた。私が主にやりとりをさせていただいた眞後氏・高橋氏のほかにも、JST-NBDC より大勢のスタッフが講習会前後の期間を含めてサポート要員として活動した。今回は、共催機関である DBCLS とともに、NBDC・DBCLS の各種サービスを紹介する時間を 8 月 29 日の 13~15 時に設けていただいた。講師を務めた三氏（箕輪真理・小野浩雅・仲里猛留）に感謝する。裏方としてサポートしていただいたアグリバイオの諸氏（清水謙多郎・寺田透・寺田朋子・三浦文）、そして受講者として参加しつつも、TA 的な役割を積極的に担っていただいた諸氏にも感謝したい。

#### 3-2. アンケート結果について

**表 6**の講義内容の理解度に関しては、例年通りの結果といえる。つまり、**内容が難しくなるにつれて理解度が下がる傾向**だということである。前半は理解し易かったが後半は難解だったという感想も散見された。これは、後半の先生に対して「慣れない Bio-Linux 環境での講義資料作成」を依頼したことなど一因として挙げられるが、単純に後半がより高度な内容であったためであることが大きいと思われる。経験不足を指摘するコメントも散見されたが、安定的な講習会運営のためには、若手が経験を積むという側面も大事である。それ以外については、恣意的な解釈を排除するため、これ以上は論評しない。

#### 3-3. 講習会のフォローアップについて

今回は、平成 28 年度の講習会実施報告書 (3-4. 今後の NGS に特化した人材育成実施方針について)で述べた事柄の実践として、5 日間のフォローアップ期間を 2017 年 12 月 4~8 日に設けた。どの程度の要望があるのかも含めて蓋を開けてみないとわからないという状況ではあったが、結論としては 1 名がこの枠組みを利用し、個別対応した。労力との兼ね合いをどう図るかは悩ましいところではあるが、今年度の講習会内容自体がこれまでの講習会受講者からの要望を踏まえたフォローアップのようなものであったことを踏まえると、妥当なのかもしれない。



### 3-4. 最後に

計4年間に渡ってNGS講習会を世話人の立場で実施してきたが、初年度（平成26年）の試行実施で得られた経験を踏まえ、2年目以降はほぼ一貫した方針で行った。方針を含めた詳細については、過去の報告書に記載済みである。開催側が最大限努力すべき事柄は、できる限り少ない講師陣で全体の統一感を強化し、自習可能なレベルの丁寧かつ詳細かつ充実した講義資料を早めに公開し、講義室や無線LANなどのインフラに注意を払い、受講者の理解度を確認しながら講義することであろう。もちろん、真面目にやればやるほど研究に費やせる時間がその分だけ短くなる。しかしながら、ごく少人数の犠牲で大人数の受講者の研究進展に貢献できたのであれば、この方針は日本全体として見た場合は正解（成功）と言えるであろう。表に出たがらない私をなだめすかして表に出しつつ、陰として力強いサポートをしていただいたJST-NBDCが本当の意味での世話人である。

## 付録 1

設問 9 上記 2-8 の選択肢を選んだ理由（理解しやすかった点）について、計 38 件の生の記載内容を以下に示す。コメント内容は、基本的に記述内容を（漢字変換ミスも修整せずに）そのまま掲載しているが、改行はできるだけ取り払い、「。」や「:」の挿入のみ適宜行った。

設問 2 「事前予習」の分量について

設問 3 「8月 28 日：予習内容および各種動作確認」の講義内容を十分理解できた。

設問 4 「8月 29 日：ゲノムアセンブリ後の各種解析(1 日目)」の講義内容を十分理解できた。

設問 5 「8月 30 日：ゲノムアセンブリ後の各種解析(2 日目)」の講義内容を十分理解できた。

設問 6 「8月 31 日：メタゲノム解析」の講義内容を十分理解できた。

設問 7 「9月 1 日：Hi-C 解析」の講義内容を十分理解できた。

設問 8 講義の内容は全体的に理解できた。

コメント 1：昨年の講習会を受講していたこともあり、予習に手間取ることなく、スムーズに受講準備ができました。実際の内容も、特に難しく理解できない内容はありませんでした。

コメント 2：「ゲノムアセンブリ後の各種解析」予習をしていた人は皆ついていけたと思います。よく理解できました。

「Hi-C 解析」Hi-C 解析の一般的な話から様々な応用解析までかなり幅広く講義されて非常に勉強になり多くは理解できたと思います。

コメント 3：「ゲノムアセンブリ後の各種解析」1～2 日目のゲノムアセンブリはコンティグの大小など視覚的にわかりやすく、理解しやすかったです。乳酸菌ゲノムの文献の方を読みつつ解釈することができるのも理解を助けていると思いました。

「メタゲノム解析」メタゲノムについても同様に視覚的なイメージがわかりやすい話題で、パイプラインのどの作業を行っているのかわかりやすかったです。アウトプットとして種や遺伝子の総体が得られるというのも、イメージがしやすかったです。

コメント 4：バイオインフォマティクスの勉強をしたと思っていたのでひとつずつのどのようなことをすると、結果が出てくるのがわかりやすかった。また、ある程度、行っていることが分かった。

コメント 5：「ゲノムアセンブリ後の各種解析」ひとつひとつのコマンドやプロセスが、丁寧にスライド化されていたため。

コメント 6：私は、疫学研究者であり、収集した試料（特に DNS）の分析と解析については、生命科学者やバイオインフォマティクシヤンに依頼しています。今まで私達と生命科学者やバイオインフォマティクシヤンとの間には、もっている知識や考え方が大きく異なり、溝があると考えていたため、

溝を埋めるためにこの講習会に参加しました。今回講義をいただき、細かい解析方法やプログラムについて十分理解できたとは言えないですが、プログラムを実行するにあたり、考え方や狙いを丁寧に説明されていたので、非常に勉強になりました。バイオインフォマティクスと共同研究をする立場の人にも役に立つ講習会だと思います。

**コメント 7:**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」全体像を掴んだうえで詳細な説明に移って行ったので分かり易かった。また、予習ができた分、理解の助けとなった

**コメント 8:**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」スクリプトについて丁寧に解説して下さったため。

**コメント 9:**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」スライドと Web の資料が充実しており「今何をしているか」を追跡しやすく理解のために助かった。

**コメント 10:** Linux PC でマウスのトランスクリプトーム解析をほぼ独学でやってきた下地があることを前提のコメントになります。

1)「ゲノムアセンブリ後の各種解析」過去分のスライド資料は一見分量が多いが、一通り実際に動かしながら進めていくと十分理解できるように構成された良くてきた教材であったこと。さらに雑誌本文をサラッと読み流す程度で十分復習になった。環境構築やツールの導入等で苦労せずに入っていける点も良かったと思う。

2)「メタゲノム解析」(利用する機会がなかったから)私の中であまり意識していなかったメタ 16S 解析とメタゲノム解析の違いを冒頭で明確に指摘されたのでパイプライン全体的の見通しがきいたこと、処理時間の合間に解説が入ったことがわかりやすさにつながった。

3)「Hi-C 解析」関心ある文献でデータは見るが未経験の技術であったので、各ステップごとに問題点を提示し、わかること、わからないことを明確にしながら説明されていた。ゲノムアセンブリ後の各種解析(両日)の一部内容の丁寧な説明がイントロになっていた点。

**コメント 11:**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」PowerPoint の原稿が事前にプリントでき、注釈を入れたり付箋を貼付けたりして、理解を深めることが出来た。コマンドを記載したテキストにも説明があり、分かりやすかった。

**コメント 12:**メタゲノムにせよゲノムアセンブリにせよ、普段から解析をしているツールを組み合わせることで解析していて馴染みがあったから

**コメント 13:**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」講義資料がわかりやすい。初心者にも辛い所に手が届く説明であった。

**コメント 14:**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」講義資料が非常にきめ細かく作り上げられており、

授業予習がかなり行いやすかったです。

「メタゲノム解析」腸管内微生物叢の代謝関連の解析の実例まで見せてもらえて大変参考になりました。

「Hi-C 解析」講義内容はとてもわかりやすく、事前にデータも用意していただいて大変解析を行いやすかったです。

**コメント 15 :** 全体的に大変勉強になりました。

**コメント 16 :** 進むペースがゆっくりで間を長く取ってくれたので、簡単なコマンドに関しては、コピーだけでなく理解して自分で入力することができたため、理解が深まった。特に門田さんの講義は間をとっても長くおいて、講義に遅れる人がでないように毎回確認しながら講義を進めてくれたため、かなり余裕がありほとんど全てのコマンドを手で入力することができたため理解しやすかった。

**コメント 17 :** 「ゲノムアセンブリ後の各種解析」丁寧でとてもゆっくりであったため、次の操作を確認する時間が出来ました。ヒトゲノムを対象としてきましたので、微生物ゲノムは経験がなくプラスミドをどのように解析すればいいのか、とても勉強になりました。共同利用施設におり、今回は学内の依頼者との話をする際に微生物に関連する解析は、全く経験が無いため参加致しました。

「メタゲノム解析」依頼が無く（おそらく、16SrRNA との違いが判らない）、問い合わせはこれからになると思いますが、イルミナの公開データを使用して勉強してみようと思います。丁寧で分かりやすかったです。

「Hi-C 解析」初めて聞く内容でしたので、論文などで勉強していきたいと思います。充実した 5 日間でした。

**コメント 18 :** 講義の進行にかかる時間がゆっくりで非常にやりやすかったから。

**コメント 19 :** 講義資料やコード集が事前に公開されており、予習がやりやすかった。また、講義資料がわかりやすかった。

**コメント 20 :** 非常に説明がよく、スピードが適当であった。FASTA ファイルを完全に 2 行にし、何番目を取り出す、などの方法は説明が論理的で、動作に対するアウトプットの因果を実感でき、普段論理的思考やプログラムなどに疎くても理解しやすかった。

**コメント 21 :** 「ゲノムアセンブリ後の各種解析」受講前に課されていた予習で講義の進め方のイメージができて良かった。資料やコマンドも纏められていたので、講義中にメモに追われたり、次にする事が分からずに焦る事がなく、集中しやすかった。

**コメント 22 :** 「ゲノムアセンブリ後の各種解析」理解しやすかったので、自分のサンプルでも試してみようと思う。

**コメント 23 :**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」

予習の分量、講義資料の完成度、講義の説明、休憩を取るタイミング、すべてに渡って適切で非常に分かり易かったです。例年通りの完成度でした。

「メタゲノム解析」

非常に多数の解析手法を駆使して行う複雑な解析であるにも関わらず、講義の説明は簡潔で分かり易かったです。1日という短い時間であったことを考えると、内容の濃い講義だったと思います。希望としては、2日程度講義時間を確保し一連の解析を体験したいと思います。

**コメント 24 :**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」「メタゲノム解析」実際解析しながらだったので良く理解できた。

**コメント 25 :**「事前予習」比較的簡単にこなすことができた。

「ゲノムアセンブリ後の各種解析」ほぼコピーで作業が進めるのは、非常にありがたかった。細かいポイントも資料に記載されており復習がしやすい！

「メタゲノム解析」「Hi-C 解析」説明されるがままにコマンドを打ち解析が進みデータが可視化されていくプロセスが非常に興味深かった。

**コメント 26 :**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」予習ができたので理解が容易であった。門田先生の説明は分かり易い。

**コメント 27 :**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」事前の予習と、講義後の復習で内容を理解できました。

「メタゲノム解析」残念ながら思い当たりません。

「Hi-C 解析」スクリプトを使うことで、操作よりも内容の理解を深められたと思います。

**コメント 28 :**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」必要となりそうな知識をあらかじめ事前学習しておくことができたためスムーズに新規事項を理解することができた。

**コメント 29 :**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」予習内容が完全マッチングしていたので内容が理解しやすかった。

**コメント 30 :**概念的な部分は非常にわかりやすかった。

**コメント 31 :**「Hi-C 解析」データ解析の流れを理解することができた。

**コメント 32 :**「メタゲノム解析」解析法や結果の広げ方がある程度決まっていたので理解しやすかった。

**コメント 33 :**「ゲノムアセンブリの解析」

全体像がイメージしやすく、何をしたいか今何をしているのかがわかりやすかった。

**コメント 34 :**全体として講義の進度も早くもなく遅くもなく、手元にカラーの資料があり不明な点は講師の方や TA さんに質問できる機会があったため講義に遅れずに着いていくことが出来ました。

**コメント 35 :**予習の分量は多かった分勉強したことで授業についていくことはできたように思う。

**コメント 36 :**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」事前予習の内容をすべて理解できていなかったのが不安があったが、細かくわかりやすく説明いただき理解することができた。ドットプロットで重複が見えた時は大変おもしろかった。

「Hi-C 解析」こちらもまったくの初心者だったが、説明のとおり行うことでデータ解析できたことは感動だった。

**コメント 37 :**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」過去分含め非常に丁寧な資料が用意されているうえに、十分すぎる待ち時間を考慮した進行で、事前予習のおかげで、初心者にもかかわらず大変スムーズでした。

**コメント 38 :**門田先生の講義は丁寧な資料で事前の準備がしやすかったです。また講義も大変分かりやすく話して頂いていたと思います。

## 付録 2

設問 10 設問 2-8 の選択肢を選んだ理由（理解しづらかった点）について、計 33 件の生の記載内容を以下に示す。コメント内容は、基本的に記述内容を（漢字変換ミスも修整せずに）そのまま掲載しているが、改行はできるだけ取り払い、「。」や「：」の挿入のみ適宜行った。

コメント 1：「Hi-C 解析」解析ツールの使用方法の理解は正直に言うと不安な部分があります。

コメント 2：「Hi-C 解析」一方で Hi-C 解析は初めて聴く話題でもあり、またアウトプットで得られる情報の応用が、まだなかなかイメージができず消化不良の感覚です。

コメント 3：「メタゲノム解析」「Hi-C 解析」微生物ゲノムに関する知識が乏しかったため、内容理解に時間がかかった。

コメント 4：基本のバイオインフォマティクスの知識が不足しているのので、どうしてこのような方法を選択するかとかが分かりにくかった。

コメント 5：「Hi-C 解析」背景知識がなく最後まで頑張ってプログラムを走らせたものの、理解はできなかったです。ですが、今回の講習会のおかげで私にとって既習知識となったので、次出会うときには知識のを増やせそうです。

コメント 6：「Hi-C 解析」自身がの興味が薄かった部分もあり、理解に及ばなかった。解析によりどのような情報を引き出すことが目的なのか初めに説明があれば、理解の助けになったと思う。

コメント 7：「メタゲノム解析」「Hi-C 解析」これまで経験がなく、出て来る単語に聞き覚えがないものがあり苦労した。特にメタゲノムは、マイクの都合でしょうが音もくぐもっており、話を聞き取るのが難しく理解が不足した

コメント 8：「HI-C 解析」結果のグラフが「三角形」での表示に普段から慣れない点が講習中も克服できなかったのので、途中話を追っかけるのまごついた箇所があったから。

コメント 9：「メタゲノム解析」8月31日：内容は良かったです。講師の方も丁寧に説明して下さいました。でも、残念なことに PowerPoint の原稿やコマンドを記載したテキストを直前に印刷できなかった。印刷したものを会場で受け取ったが、コマンド操作に関するものはなく、実習で書き込みたい注釈や付箋を付けなどができなかった。色々大事なことを話して下さっているのに、全て記憶に残っているかは自信が無い。良い講習だったが、大変残念だった。

コメント 10：「Hi-c 解析」まだ十分に確立された方法がなく、コピーライトの関係上、資料の PDF

がなく、配布資料が縮小コピーだったためわかりづらかった。

**コメント 11:**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」タイトルが同じスライドが続くため、ぱっと見でどこをやっているかがわかりにくかった。

「メタゲノム解析」コマンド集があっても、そこにたどり着くまでの過程がスキップされていたりしてわかりづらい点があった。

**コメント 12:**後半の二日間は特にメタゲノムにあまり触れたことがなかったため、もう少し資料が細かいと勉強になりました。

**コメント 13:**高校では聞かない用語が多くあったため、バイオインフォマティクスでは基本的な単語でも、知らない単語が多くあったため、話の中でその単語がどのようなことを指すのか考えるのが大変だった。とくにメタゲノム解析ではコマンドの実行内容の説明が理解できないことが多かった。高校まででやらないことでも、基本的なコマンドなど、予習内容に含まれていることであれば容易に理解できたため、基本的な用語についても予習するための Web サイトなどを紹介していただけると、しっかりと内容を理解できるように感じた。

**コメント 14:**ところどころ、昨年度の内容が入っていたので（仕方ないですが）その部分の理解に時間がかかった。

**コメント 15:**「予習」は、他者の UNIX tutorial を実施していたのでこれが助けとなって理解できた。毎年出ていた人は良いが、まったく linux コマンドを理解していない状況からは難しかったのではないか。

「メタゲノム解析」内容が盛りだくさんで、説明なし自分で解析を再現、あるいは今回の内容を応用して似た解析が出来るかと言えば自信が持てないレベル。

**コメント 16:**「全ての講義」公開されているものではなく、自作部分のコードについて、中身の簡単なレビューがあると嬉しかった。自分では気付かないような書き方に出会えたら参考にしたい。（もちろん後で自分で読めば良いと言えば良いのですが…）

「メタゲノム解析」「Hi-C 解析」一部 Web で公開できない資料が含まれるとのことだったので、最初メモ取りにエネルギーを割きそうになって集中が削がれた。

**コメント 17:**「メタゲノム解析」内容は分かるが、一つ一つやっていることが理解できなかったところが多かった。

「Hi-C 解析」どういう解析なのかは理解できたが、正直ついていけなかった。

**コメント 18:** ・「事前予習」特に理解し難いところは無かった。

・「ゲノムアセンブリ後の各種解析 1 日目・2 日目」乳酸菌に特化した内容ということもあり環状



コンティグの事や、FASTQ ファイルを Linux のコマンドを駆使して編集したり等、あまりやったことのない方法で少々戸惑った。理解しづらかったというわけではない。

・「メタゲノム解析」「Hi-C 解析」全く経験の無い分野で見ると聞くもの初めてな内容ばかりで、一朝一夕で身に付く技術ではないなと感じた。

**コメント 19:**「Hi-C 解析」に関しては、予備知識がなく、当日の講習だけではなかなか理解が難しかった。

**コメント 20:**「メタゲノム解析」講義資料が直前に公開されたため、まったく予習ができませんでした。初心者としては、せめて資料に出てくる用語は調べておきたかったです。また、講義では声が小さく聞き取りづらかった箇所が多かったため、スライドの内容をノートに転記することに必死でした。

「Hi-C 解析」講義資料が直前に公開されたため、まったく予習ができませんでした。初心者としては、せめて資料に出てくる用語は調べておきたかったです。

**コメント 21:**「メタゲノム」「Hi-C 解析」講師の方々の用意して下さった OVA ファイルのおかげで解析自体はスムーズに行えたが、実際に自分の手で行うことは難しいように感じた。

**コメント 22:**「Hi-C 解析」個人的な問題ですが PC スペックがぎりぎり固まる局面が多く置いて行かれたのちは追い付けなくなりました。

**コメント 23:** 昨年に比べて、後半はコードなどが全て用意され読み込むだけで進んで行く部分が多く実際に自分で try and error ができる自信はないと感じた。

**コメント 24:**「Hi-C 解析」解析法や結果の扱げ方がまだあまり決まっていない分野というところで理解しにくい点があった。

**コメント 25:**「メタゲノム解析」「Hi-C 解析」

バイオインフォマティクスを始めたばかりなので、少し入り込んだ話になると理解できなかった。マイクの調子もあまりよくなかったようで、聞き取れないところも多かったです。

**コメント 26:**「Hi-C 解析」の講習についてはハンズオンの内容は遅れずにパソコン操作が着いていけたのですが、自分の予習不足のため講義中はただコマンドをコピーするだけで理解が間に合いませんでした。

**コメント 27:**「メタゲノム」「Hi-C 解析」は、今回初めて触れたので、NGS でこういうこともできるのかと感銘はしたが、理解（自分で出来るかという意味では）はしていない。

**コメント 28:**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」「Hi-C 解析」: 今回初めての参加だったので、複雑なコマンドや R など、実際自分で作製できるかが不安で、やはり自習が重要であることを痛感した。

**コメント 29:**「メタゲノム解析」「Hi-C 解析」は、すごく興味深そうな内容（特にメタゲノム!）でした。にもかかわらず、NGS 普及以後の経験値がない私には、時々講義内容（ハンズオンでなく）についていけず悲しかったです。

しかもこの講習のために購入した PC が予想外に遅く（Windows 10 のせいだと思いたいです）、特に HiC では「40 分～1 時間くらい」との処理に昼をまたいで 2 時間 10 分かかりました。ご参考まで。

-----

Dell Inspiron 15-3547

Windows 10 Home

CPU Core i5-7200U @ 2.50GHz 2.70GHz

実装 RAM 8GB

-----

ちなみに、斜め前の受講者の Mac(Air?)の方は、さらに 30 分くらい余計にかかっていたようです。

**コメント 30:**「メタゲノム」「Hi-C 解析」の部分は講義資料が事前に配布されなかったこともあり、事前の予習・準備が足りなかったと思います。理解がちょっと追いつきませんでした。

また、講師の方も、時間の制約や慣れない講義の形式で、伝えたいことを十分には伝えられなかったのではと感じます。（それでも貴重な機会でしたが!）

**コメント 31:** 本業の都合上出席できなかった時間もありましたが、概ね内容にはついていけたかと思っています。

**コメント 32 (2名):** 特にわかりにくいところはなし

## 付録 3

設問 11~16 の選択肢を選んだ理由について、計 55 件の生の記載内容を以下に示す。コメント内容は、基本的に記述内容を（漢字変換ミスも修整せずに）そのまま掲載しているが、改行はできるだけ取り払い、「。」や「:」の挿入のみ適宜行った。

設問 11 興味ある内容が取り上げられた

設問 12 講義内容の分量は適切であった

設問 13 講義のレベルは適切であった

設問 14 説明の仕方は分かりやすかった

設問 15 講義の進度や時間配分は適切であった

設問 16 講義資料などは適切であった

**コメント 1 :**「8 月 28 日 : 予習内容および各種動作確認」、「8 月 29 日 : ゲノムアセンブリ後の各種解析(1 日目)」、「8 月 30 日 : ゲノムアセンブリ後の各種解析(2 日目)」、「8 月 31 日 : メタゲノム解析」、「9 月 1 日 : Hi-C 解析」: いずれも講義内容、分量とも申し分なかった。

**コメント 2 :** HiC : HiC に関する資料のデジタルデータがあればと思いました。

全体 : また、講義中の twitter の質問に反応していただけるのは大変助かりましたが、#ajacs タグとは独立して（独立しなくてもいいですが）、この講習会用のハッシュタグを作って講義開始前に伝えておいた方が有益だったのではと感じました。今回の twitter 上の情報は大変役に立つものばかりですが、あまりアプローチしていない人が多いのではと思います。

**コメント 3 :**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」

自分の手でコマンドを打つことができ（コピペ）、fasta ファイルや fastq ファイルを操作することができるようになりました（なったような気がします）。講義のスピードも適切でゲノムデータの解析について理解が大変に深まりました。またシェルスクリプトの講義もとても勉強になりました。早速解析で seq コマンドを使いました。

「Hi-C 解析」

講義の内容や準備して頂いたスクリプトでの操作は全く問題なく理解することができました。ただ Python 等の知識が無い自分にとって一人で新たなデータ解析を実行するのはなかなか難しいかもしれないと感じました。"

**コメント 4 :** 昨年度も参加させていただいておりますが、どの講義も再現性に富んだ資料と OVA ファイルでとても助かっております。

**コメント 5 :**「ゲノムアセンブリ後の各種解析（1,2 日目）」

講義資料が授業の進行に合わせて非常に高い完成度できており、非常に理解が深まった。

**コメント 6 :** すべての講義に言えることだが、講義資料の印刷が小さすぎて読めない部分がある。

**コメント 7 :** ゲノムアセンブリ後の各種解析

内容は難しかったが、予習ができるように配慮していただいたため、準備をしたうえで講習会に参加することができた。

**コメント 8 :** 講義自体は分かりやすいと思えました。動画で以前の勉強を試みたのですが、イメージがつきにくかったので、やはり実際に講義を受講するのが分かりやすいです。

**コメント 9 :** ゲノムアセンブリ後の各種解析:

すでに、日本乳酸菌学会誌に詳細が連載されていて、事前予習ができたため。

**コメント 10 :** プログラムはコピペ、考え方や狙い、細かいテクニック、皆が失敗するであろうポイントも説明されていて大変勉強になった。

**コメント 11 :** メタゲノム解析、HiC 解析では、ハンズオン講習会なので、後で操作を再現できるよう、講義資料は実際の操作が分かる方が望ましい

**コメント 12 :** 「HiC 解析」: NGS データから、変異の解析だけでなく、遺伝子の立体構造まで予測できることに、非常に感銘を受けました。

**コメント 13 :** 講師が時間配分や進行に気を遣ってくださっているのがわかりました。思ったよりは進行がゆっくりだったので、作業的にはついていくことができたように思う

**コメント 14 :** 日程や参加者の PC 性能・経験の違いそして自分が運営側にたったと考えれば、ハンズオンという形式上、目一杯のことをしていただいたと思うから。

**コメント 15 :** 9.10.で答えた通り。

本気で自分のラボ机に戻って自分でやろうとしている者にとっては事前の PwerPoint 資料等は目を通しておくべきだし、コマンドなども分からないところは調べておきたいので、早めに公開して欲しいです。

印字もされていなくて、目の前の画面の説明をされていて「コレ、どうやってメモするの!」「あああ、きっと帰ったら忘れるー」と、何度も心の中で叫んでしまいました。

**コメント 16 :** 9.10 であげたようにゲノムアセンブルやメタゲノムは情報がたくさんあり馴染み深い。一方で Hi-c 解析はまだ発展途上なのでわかりづらかった。

**コメント 17:** 全体：説明は大変わかりやすかった。マシンパワーの違いには関係なく、予習不足の人に合わせるために進度が遅く感じられる部分が多々あった。

**コメント 18:** ゲノムアセンブリ後の各種解析：普段、シェルスクリプトや簡単な python script で FASTA ファイルを地道に解析していく機会は少ないので、良かったです。バイト数の理解も大まかにしかできていなかったですが、細かく教えていただいて良かったです。

メタゲノム解析：腸内微生物叢と免疫の関連の研究に関わっているので良かったです。

HiC 解析：パイプラインの中身を詳しく教えていただいて良かったです。パイプラインの中身も代表的なソフトと簡潔な python code の組み合わせで理解しやすかったです。

**コメント 19:** 興味があり大変勉強になりました。

8月31日：メタゲノム解析 9月1日：Hi-C 解析の方の講義資料が後で見返してもわかるように、もう少し細かく書いてくださっていると大変ありがたかったです。

**コメント 20:** 「メタゲノム」「HiC」

メタゲノム・HiCは最近注目されてきており、基本とはいえその解析を一通り回せたのはよかった。

**コメント 21:** 高校生という点から、完全に自分の専門があるわけではなく、生物全般に興味があったため、どの内容も楽しかった。またバイオインフォマティクスの知識を網羅的に得られたため、バイオインフォマティクス自体に対する興味が湧ききっかけにもなった。

分量もそこまで多くなかったため、細かい部分はわからないことがあっても、概要は理解できた。

**コメント 22:** ゲノムアセンブリ後の各種解析の資料は、コマンドの部分のみ予習をしていきました。とても丁寧な資料でした（丁寧すぎるくらい）。どの講義もですが、休憩も多く、負担はありませんでした。

**コメント 23:** スライド一枚一枚に丁寧に解説があったから。

**コメント 24:** 講義時間は午前中もう少し早く開講し、午後は早く終わってほしい。

**コメント 25:** 「ゲノムアセンブリ後の各種解析」

2014年度の講習まで戻り自習したので、一連のNGS解析に興味があった。

BioLinuxの操作に不慣れだったので講習についていっただけでやっとだった。

説明はいつもどおりの門田先生の説明といった感じで好感がもてた。

**コメント 26:** 「ゲノムアセンブリ後の各種解析」は、丁寧すぎるほどであった。blast viewer の入れ方で手間どったが、進行がゆっくりで助かった。理解できたところはやや進行が遅いと感じる部分もあった。いっぽう「メタゲノム」は内容が多彩で、少なくともコマンドを自分で打ち込む余裕は

無かった（ほぼすべてコピペで済まざるを得なかった）

**コメント 27 :** 各講義とも盛りだくさんの内容を効率よく学べるように良く準備されていた。

**コメント 28 :** 「全ての講義」

参加者の中では、講義内容と関わる頻度が少ない方だと思うので、私が聞いて分からない所が多いくらいが、講義のレベル・分量としては適切なのではないかと感じた。

「ゲノムアセンブリ後の各種解析」

予習の際に網羅で来ていなかった所は、なかなか頭に入ってこなかったように感じた。

昨年度までの講習会で当該内容の講習があったと思うので、今年度の動画が公開された後に、一緒に閲覧して復習をしようと思う。

**コメント 29 :** 3 日目及び 4 日目のスライドが分かりづらい部分があった。

**コメント 30 :** 「ゲノムアセンブリ後の各種解析」はコメントするまでもなく満足しましたし、「メタゲノム解析」も複雑な解析であるにも関わらず簡潔な説明が良かったです。

**コメント 31 :** 8/31,9/1 の資料をはやめに公開してほしかった

**コメント 32 :** 量的に多いのかなと思いますが、分かりやすかったので、それほど感じませんでした。

**コメント 33 :** 11.興味ある内容が取り上げられた。

即、仕事に使えるような内容ではなかったが、各々の分野で行われている解析内容は興味深かった。

12.講義内容の分量は適切であった。

後日、自宅や会社で復習するのには適切な分量だったと思う

13.講義のレベルは適切であった。

Linux がある程度扱うことができれば、操作に関しては適切なレベルだった。

未知の分野の知識や解析技術を習得するとなると、今回の講義はレベルが高いと感じた。

14.説明の仕方は分かりやすかった。

講義資料に沿って説明がなされ、分かりやすかった。

15.講義の進度や時間配分は適切であった。

PC のスペックで解析が終わるまでまちまちであったが、足並みをそろえていただけたので置いていかれることはなかった。トイレ休憩も絶妙なタイミングだった。

16.講義資料などは適切であった。

門田先生の詳細でボリュームの多い資料に驚いたが、復習するには必要な量だと思った。

他の講義も程よく纏められていて、必要なコマンド集もあるため後日再現することができた。

コメント 34 : Hi-C の資料はもう少し早く欲しかった。

コメント 35 : ゲノムアセンブリ後の各種解析」

講義資料に下線や注釈が細かく記載されていてよかったです。また、講義でも「今、このことです」とおっしゃってくださり、資料通りに進んでいて、とてもわかりやすかったです。

「メタゲノム解析」

講義では声が小さく聞き取りづらかったです。また、当日配布された資料は文字が小さすぎて読めませんでした。

講義資料とコード集が分離しており、復習しづらかったです。

「Hi-C 解析」

講義内容の量がちょうどよかったと思います。

コメント 36 : ゲノムアセンブリ後の各種解析、メタゲノム、Hi-C 解析いずれも進行は適度なペースで、説明も大変わかりやすかった。多少のミスによりエラーが起こっても追いつける速さだった。

コメント 37 : ゲノムアセンブリ後の解析：予習内容とマッチングしていたので戸惑うことが少なかった。

コメント 38 : 講義資料がともしっかりと作られているので、講義のスピードをもっとはやくしても良いと思った。

コメント 39 : 門田先生の資料は相変わらずわかりやすかった、

後半は advanced な内容なので仕方がないと思うが、雰囲気を理解する程度しかできなかった印象がある。

コメント 40 : 「Hi-C データの解析」

これから Hi-C データの解析を行うにあたって理解しておかなければならない概要を理解することができた。

コメント 41 : ・全講義を通して

貸与 PC を使用させて頂いたこともあり、スライドの進行に併せて PC 操作を行うことができ、ストレスなく講義に集中できた。

・ゲノムアセンブリ後の各種解析

事前に予習内容を指定して下さったため、講義の進行にもスムーズについて行くことができた。

コメント 42 : メタゲノム解析, Hi-C 解析

どちらの講義も、ハンズオンに関して正解データもあり、追いつけなくなることもありませんでした。

た。講義内容については、解析法自体の基本的なところから出口まで十分なスライド・情報量でした。

**コメント 43** : Linux の操作に慣れていない人にもついていけるように、一つ一つのコマンド操作に対する説明がとても丁寧だった。

**コメント 44** : どの講義も資料が用意されており、全くバイオインフォマティクスを勉強したことがなかった私でも、ついていくことができた。私は主にマウスを扱っているため、Hi-C は特に興味深かったが、難しかった、

**コメント 45** : 自分の大学での研究で RNA-seq の経験しかなく、乳酸菌のゲノムアセンブルやメタゲノム解析、Hi-C 解析共に名前を耳にした程度でしたが、事前予習の課題がわかりやく講義も遅れずに理解することができました。

**コメント 46** : メタゲノムや Hi-C の授業資料も講習会前に見れたらもう少し理解出来たかもしれない。

**コメント 47** : 興味関心がある分野を適切にご説明頂いたため

**コメント 48** : ゲノムアセンブリ後の各種解析 : 今回が初参加だったので、レベル、分量ともにちょうどよかった。ただ、後半はもう少し早く進めてもついていけたと思う。

Hi-C 解析 : レベル、分量ともにちょうどよかった。ただ、ゲノムアセンブリ後の各種解析を受けていた後だからついていけたのだと思う。

**コメント 49** : 「ゲノムアセンブリ後の各種解析」「メタゲノム解析」「Hi-C 解析」いずれも実習と講義のバランスがよく、ついていけないことがなかったため。

**コメント 50** : どの講義においても資料は大変丁寧に作成されていたため、解析に詳しくなくても十分に講義についてくることができたため。

**コメント 51** : いずれの日程においても、HP のコマンド集および講義資料に忠実に講義が進められていたので、今後自分で解析を行う際に、実際に使うことができそうだと感じたため。

**コメント 52** : 今後の業務としては、遺伝子発現解析がメインとなりそうではあるが、NGS で解析ができるほかの手法についても知る事ができるよい機会であったし、Linux 環境での解析に慣れることができた。

**コメント 53** : メタゲノム解析や Hi-C 解析といった専門的な内容については、1 日でも早く資料が



欲しかったです。

**コメント 54:** 昨年度に比べボリュームが減ったのは残念ですが、先生方の負担を考えると仕方ないかなと思います。

メタゲノム、Hi-C 解析の部分は時間をもっと取っても良い気がしました。今後もホットトピックを取り上げてほしいです。

**コメント 55:** 特になし (1名)

## 付録 4

設問 18~19 の選択肢を選んだ理由について、計 55 件の生の記載内容を以下に示す。コメント内容は、基本的に記述内容を（漢字変換ミスも修整せずに）そのまま掲載しているが、改行はできるだけ取り払い、「。」や「:」の挿入のみ適宜行った。

設問 18 講義に TA は必要である

設問 19 講習会の講義資料や講義動画があれば、講習会に参加しなくても良いと思う

**コメント 1:**「8 月 28 日: 予習内容および各種動作確認」持込 PC の場合は準備段階に 1 人では解決できない不具合も生じ得るため、TA は必須だと考える。また、所属機関や通信環境によっては ova ファイルをダウンロードできないため、オフラインで ova ファイルを受取り講習前に確認できる環境は必要。

**コメント 2:** 社会人が自分で時間を作って数十時間ある講義動画を全て見るというのには、かなり高いモチベーションと自己管理能力が求められると思われ、講義に実際に参加するよりも難易度が高そうに感じます。自分としては、こういった機会があるのは大変助かります。あとは、ある程度の経験があつて講義を受講しようとする人向けの、一般 TA 枠としての参加枠を作ってもいいのではないのでしょうか。講義も受けつつ、基本的な linux コマンドでつまづいているような人をカバーする役割の人が多数いると、よりスムーズになるのかなと思いました。

**コメント 3:** 全般として

TA は思わぬトラブルがあつたときには安心感がありますしあの人数を講師の先生がすべて見るのは難しいと思うので必要と思います。

私はビデオで講義を受けるのは性格的にあまり合わないため実際に講義を受けたいです。ただいつでも動画で復習できるのはとても良いと思います。"

**コメント 4:** 長時間の動画を集中して、日常作業を行いながら聴講することは難しいです。一度に集中して作業をしたいので、実際に聴講できて幸いと感じております。

1 週間という短期間だったのも今回は助かりました。

復習として昨年の動画は気になるところだけ何度も拝見させていただきましたので、動画の公開は続けてほしいです。

**コメント 5:**「ゲノムアセンブリ後の各種解析 (1,2 日目)」

講義資料による独学も可能ではあるが、実際の講義に参加し、先生方の細かいコメント等をいただいた方が理解が深まると感じた。

**コメント 6:**「ゲノムアセンブリ後の各種解析」に関しては講義資料以上のことに関してあまり説明

してもらえなかったように感じる。

**コメント 7:** ゲノムアセンブリ後の各種解析

予習として過去年度の講習会の動画を視聴したが、音声・映像ともクリアで学習しやすかった。

**コメント 8:** 動画で以前の勉強を試みたのですが、イメージがつきにくかったし、頭にも入ってきませんでした。しかし、実際に講義を受講するのが分かりやすいです。

**コメント 9:** ゲノムアセンブリ後の各種解析:

TA の方々のツイートもリアルタイムで有用で、それは、多くの専門家の方々がどう考えているかコンセンサスを知る上でとても役に立つ。

**コメント 10:** PC のトラブルが無かったので、今回は TA を必要としませんでした。

統合 TV を見ながら過去の講習会について予習したが、プログラムを走らせただけという印象がある。しかも、業務の合間に観るので集中も十分できていない。『講習会に参加して 1 日数時間その場で考える。』という大切な時間は、残念ながら資料と動画では確保するのが難しい。バイオインフォマティクスでも、細かい技よりも何をどのように解析するか、目的や目標といったことを十分に時間をかけて考える必要があるので、まとまった時間、集中的に勉強できるこのような講習会は必要だと思います。

**コメント 11:** 18: トラブル時の対応や Twitter での補足情報等とてもありがたい存在でした。

19: 私は DRY 解析を独学で学んでいるので、実際に DRY 解析している方がどのような雰囲気なのか知れる機会でしたので、講習会に参加することが意義深かったです

**コメント 12:** 実際にコマンド入力がかいかなかい場合に、その場で TA の方に、質問することができ、大変勉強になりました。

**コメント 13:** どの講義についても、TA さんに頼らないで済んだが、いていただくことで安心感があった。講義については、一度どこかで直に受ければ、雰囲気がわかるので他の動画を見ても理解しやすくなるように思う。

**コメント 14:** (全ての講義に共通) TA さんは必要だが、今回は講義中の TA さんが必要とされる場面が少なかったため、適切な人数について判断がつかない。(全ての講義に共通) 講義資料だけではわからない部分がある。録画動画は正直きついです。実際過去の動画は他の講演会も含め長時間すぎてほんとに必要でない限り終わりまで視聴できませんでした。ただし、受けた講義の配信は復習に役立つと思います。

**コメント 15:** (予習日を含めて全日程で)

自分でも何が分からないのか不明だったので、実際に皆さんと手を動かして理解を深めることができました。ものすごく初歩的なことや些細なことを正直に聞いて良かったです。

講義動画は復習に活用させていただきます。

**コメント 16 :** TA はハンズオンでは絶対に必要で TA や講師もトラブルシューティングをすることで還元できる部分はあると思います。

19.生の講義は疑問に思ったことをすぐ聞けるから絶対に講義に参加できるならしたほうが良いと思う。

**コメント 17 :** 28 日の準備の際にメモリの設定などで質問した際に速やかに解決した。

講義内では TA に聞くことはなかったが、いらっしゃる安心感はあった。

**コメント 18 :** bio-linux (8)は使ったことがなかったのですが、いろんなソフトを予めインストールされているのは確かに便利だと感じられました。ただ、初回から一人で行うのが大変なときもあるので、むしろ初日(8/28)のインストールの手順だけでも、実地であると良いと思います。(2 日目以後以後は確かに講義資料や抗議動画だけでも良いかもしれません。)

**コメント 19 :** 実際に講義に出ないと、わからないことがその場で聞けないと感じました。また、講義動画では編集でカットされてしまいそうな、細かいニュアンスは現場でないと伝わらないとも感じました。

**コメント 20 :** 生中継であれば外から視聴することも考えるが、動画視聴は公開までにタイムラグが発生する。リアルタイムの講習会が最も早い。

**コメント 21 :** 実際に Linux 環境を自分で設定するのも、丁寧な説明があれば容易に行うことができ、7 回までの内容も説明があればほとんど理解することができたから。

ただ、細かい内容に関しては自分では理解しづらかったり、調べないと載っていないことがあるので、そういう面まで1度で学ぶことができる点では講習会は便利であると思う。

**コメント 22 :** 今回 TA さんにはお世話になりましたが、居てくれた方がよいと思います。

講義の動画は、余程切羽詰まった人でないと見ないと思います。資料は、とても参考になりますのでダウンロードしている人は多いと思います。

**コメント 23 :** 説明が丁寧であるため。

**コメント 24 :** 講習会に参加すれば、質問ができるため。また、講習会に参加しない場合、講義動画を見る時間がなかなか確保できないと思われるため。

**コメント 25 :** 実際に出席することで、わからなかったら TA 等に聞け、直ぐに問題を解決できる。

**コメント 26 :** 今回は特に TA に助けていただく必要が無かったが、もし自分で解決不能な何らかのトラブルがあった場合は必要であったように思う。動画だけを見て自習するよりは、ちゃんと、出張として時間をとって会場に出かけて学んだほうがモチベーション高く出来る。

**コメント 27 :** 講習会でないと直接に質問することができないから

**コメント 28 :** 受講が決まったことで、下がりがちなモチベーションを高めることができるため、やはり動画・資料だけではなく実地での講義もあると有難いです。

特に社会人で業界外にいと、こういった専門的な講義に参加できる機会があること自体が有難いです。

TA の方については、実際に補助をお願いするかどうかにかかわらず、何か不具合が出た場合にすぐ相談できるという安心感があると、講義に集中しやすいので、負担でなければ板頂けるとプラス可と思います。

**コメント 29 :** コマンド操作を慣れていないあるいは使用したことがない人にはつらい部分もあった。ただ、コピペできるという点が良かったので、それで救われました。

**コメント 30 :** 全講義に渡って、TA さんが居て貰えるとトラブル時の対応だけでなく、解析の Tips も伺えるので勉強になります。

**コメント 31 :** みなさん linux 操作は事前予習としてほしい。  
よくわかっていなそうなおばさんが独占していると羨める

**コメント 32 :** 色々トラブルがあったので、TA さんがいて大変助かりました。  
講義動画は見たことがないので、今度みてみたいと思います。

**コメント 33 :** 一度操作がわからなくなると、パニックになりついていけない方もでてくるので、TA は必須だと思います。

著作権の問題で、Web 上に載せられないスライドもあるが、講習会に参加すれば配布資料にはそれがあるし、講義動画を見ながら、一緒にコマンドをたたいて同じようにやるのは、環境構築も含めある程度なれていないと再現するのは難しいが、講習会に参加すれば、その点もサポートしてもらえるので、なれないうちは参加したほうが絶対よいと思います。

モチベーションも高まります。

**コメント 34 :** 実際に質問をリアルタイムで出来る点で講習会に参加する意義はあると思います。

**コメント 35 :**「No.18 : TA は必要…」

操作できないときに助けていただきましたので、絶対に必要だと思います。(何が起こるかわかりませんので・・・)

「No.19 : 講習会の講義資料や講義動画…」

先生方に直接質問できるため。

**コメント 36 :** ゲノムアセンブリ後の各種解析、メタゲノム、Hi-C 解析いずれも動画を観るより集中して解析に取り組めたと思うため。また、疑問点があった際に即座に TA の方に対応していただけるため。

**コメント 37 :** 全講義 : 現場で質問できることが重要であると感じた。

**コメント 38 :** 門田先生の作られた資料が非常に細かく作られているので、それだけでもかなりの知識を得ることができた。一方で、講義での周辺知識などの補足がとても役に立ったので、講義は是非受けたい。

**コメント 39 :** やはり実際の講習会の方が質問ができるので、ハンズオンとしては良いように思いました。

**コメント 40 :** 動画の場合、質問があってもその場で回答を得ることができないので。

**コメント 41 :** 全講義を通して

持ち込み PC の方で、解析中にエラーが生じてしまった方や、その他トラブルに見舞われた方もいらしたようなので、TA がいらっしゃる講習会に参加することに意義を感じた。

**コメント 42 :** PC 上の基本的・個人的なトラブルで TA を必要としている方が多いように見受けられたので、私自身に関しては必要ないと思いました。

講義資料や講義動画で自習することも可能かとは思いますが、自習で講習会への参加と同量の時間を十分に使うとは考えられないですし、即時に質問ができる場所にいることも重要だと思いました。

**コメント 43 :** 講義資料があったとしても途中でコマンド操作につまづく可能性があることや、作業環境の違いにより作業ができなくなるという問題が発生する可能性があるため。

**コメント 44 :** うまく動作が進まなかった時に、隣の席の方や TA の方が助けてくれて、作業をすすめることができた。

**コメント 45 :** 講義の最初は緊張してしまい慣れないミスでつまづくことがあったので、TA さんがいらっしゃるおかげで講義に遅れずに着いていくことができました。講義中に関わらずちょっと

したことで質問できる環境であったため、その場ですぐに疑問を解決することができました。

**コメント 46 :** その場で先生方に訊けることが重要。

**コメント 47 :** TAに頼ることがなかったので

**コメント 48 :** 講義資料だけでは、つまりいた時に対処できない。そのような時、TAの方々の補助がとても助けになった。

また、自分にとっては、専門家の方による講義・実習を集中して行うこと自体が、短期間での技術習得や内容理解に必須であり、これが講習会に参加する理由である。

**コメント 49 :** 「ゲノムアセンブリ後の各種解析」「メタゲノム解析」「Hi-C解析」いずれも実際にコマンド操作しながらの講習会であり、実際に講習会に参加してこそ意味があると考えたため。

**コメント 50 :** 資料通りに動作すれば動画のみでも学習することは可能であるが、環境によっては動作しないことも想定される。また、専門の先生に直接質問できることも本講習会の利点だと言える。

**コメント 51 :** いずれの講義についても、実際に口頭での補足的な説明を聞きながらの方が、自分で資料を見て解析を行うよりわかりやすかった。また、講義であることにより集中して解析を行う時間を取れたことが良かったと感じたため。

**コメント 52 :** やはり、TAがいないとスムーズに進まなかったように思う。講習会に参加することをモチベーションの1つとして過去の講義資料を用いて学習を行うことができた。講習会を受けることで1週間で集中的に学習を行うことができた。

**コメント 53 :** Q18: ハンズオンでTAが必要ないはずはないと思います。

Q19: 個人的には参加させていただけて心底よかったです。

一方、もしルーチンワークでのスキル目的の場合ならば、充実WEB教材で充分だとは思いますが。

(web受講へのモチベーションは別問題ですが)

**コメント 54 :** ・貸与PCを使わせて頂くことで最初のPCやデータの設定の煩雑さをクリアできること

- ・その場でTAの方に見て頂けること
  - ・その場に参加することで、強制的に作業の時間を確保できること
- などのメリットがあります。

**コメント 55 :** 特になし (1名)

## 付録 5

設問 23 : NGS 解析関連で、講習会として取り上げて欲しいものについて、計 38 件の生の記載内容を以下に示す。コメント内容は、基本的に記述内容を（漢字変換ミスも修整せずに）そのまま掲載しているが、改行はできるだけ取り払い、「。」や「:」の挿入のみ適宜行った。

コメント 1 : 新しい解析ソフトウェアのレビューと解析ハンズオンがあれば、継続的な学習と知識のアップデートにつながるのではないか。

コメント 2 : RNAsequence のパイプラインで新規のものが 2016 年秋に Nature protocols に出ましたし、現行のものが古くなりつつありますので、この辺についてブラッシュアップした内容を取り上げていただけると幸いです。自分ではすでに実際に使っていて、過去のものより格段に早いことは確認しているのですが、他の研究者の方はどうなのか、気になっています。

コメント 3 : Single-cell RNA-seq を是非取りあげてほしいです。

コメント 4 : Denovo Assembly にしろ RNAseq の解析にしろ、毎年新しいプログラムや手法がでてきているので、紹介してほしいです。(Kallisto など)

特に、bioinformatics 専門の先生たちがそうした新しいプログラムたちに対してどのような印象を抱いているのか、従来の方法でいいと思っているのかなど、お聞きしたいです。

コメント 5 : iso-seq

コメント 6 : NGS の解析法などの基礎を座学でもいいので聞きたいです。

コメント 7 : 1) スクリプト言語、例えば python による簡単なプログラミングについて、2015 年度の内容より、少し詳しいもの

2) Minion に関する long read assembly たとえば、canu などのツールについて

3) RNA 発現解析 up-to-date

コメント 8 : ヒトゲノム Whole Genome Sequencing 後の SNP や構造解析について（実際に wet の部分から、dry に切り替わり変異を同定するまでの、一連の流れを学ぶことが出来れば嬉しく思います）。

コメント 9 : 自分でデータを得なくても、公共データベースから取ってきた塩基配列だけでどんな研究ができるか分かるような講習、アイデア例。

コメント 10 : Oxford Nano pore のデータ解析



コメント 11 : 今回の講習内容がちょうど良かったです。他は特にありません。

コメント 12 : データ加工関連でしょうか。

たとえば出力されたデータをグラフ化したりするなど。

それぞれの解析で使われているの統計手法や解析理論の解析。

コメント 13 : RNASeq の解析方法。

コメント 14 : 自分に取り組んでいるテーマでもあるのですが、機械学習(深層学習)の NGS などへの実用的な応用例など、あると面白いかもしれないと思いました。

コメント 15 : エクソソーム中の miRNA 解析。血液中の cfDNA 解析

コメント 16 : NGS で得られた配列への、アノテーションのつけ方。

NGS で得られた配列の比較 (Artemis comparison tool 等の使用方法)

コメント 17 : がん患者の予後と遺伝子発現データ相関など。

コメント 18 : R による NGS 解析、MAC での NGS 解析

コメント 19 : ・大容量データの解析に耐えうるサーバー等のマシンを準備する方法。

・既存のフリーソフトと組み合わせるなどして GUI ベースの解析用ソフトを組み立てる方法

コメント 20 : 時間の確保が前提ですが、変異解析(Re-sequencing)を 2 日程度掛け一連の解析を実施してほしい。(一部を掻い摘んでやるのではなく)

コメント 21 : ヒトデータ、GWAS、eQTL などの解析

コメント 22 : 昨年度参加できなかったのですが、昨年度のような初級の講習会も再度開催してもらえたら良いなと思います。

コメント 23 : circularRNA の解析方法、融合遺伝子の解析方法

コメント 24 : miRNA 解析、ChiP-seq 解析

コメント 25 : 受講者のレベルに合わせた内容ごとに講習会を開催いただきたいです。

初心者は「H.28 年度」、中～上級者は「H.29 年度」の内容かと感じました。

コメント 26 : gRNA ライブラリーを用いたライブラリースクリーニング

コメント 27 : 過去動画と統合 TV で充分です。

コメント 28 : Chipseq 解析手法のより advanced なモノ(マニアックでしょうか)  
トライアンドエラーの仕方などが一番詰まるので、よく起きるエラーなどを中心にした講習会があると助かります

コメント 29 : 最近よく聞く Oxford Nanopore などのロングリードシーケンスを使用したデータ解析について。

コメント 30 : ゲノムワイド関連解析

コメント 31 : CAGE 解析、FANTOM などの情報をどのように活用し研究していくかの how to 講義

コメント 32 : QIIME

コメント 33 : ChIP と Hi-C の融合解析。

RNA-seq, Hi-C, ゲノムアレイのデータの複合的な解析方法 (マルチオミックス)  
ジーンオントロジー、パスウェイ解析などを組み合わせたバイオインフォマティクス解析

コメント 34 : miRNA 解析関連

コメント 35 : RNA-Seq 解析の遺伝子発現量算出後の目的別解析法について

コメント 36 : - 自然環境に散在する複数種 DNA の具体的解析手法  
- PCR すらやったことがない世代でも「NGS 解析ってすごい！」と思わせるテーマ

コメント 37 : ・メタゲノム、Hi-C についてももう少し深くやる機会があっても良いのでは。  
・スパコンを使うとなった場合の実際について (→ 開催場所が変わるのでしょうか?)  
・難しいと思いますが、wet の実験 (費用は徴収して良いと思います)

コメント 38 : 特にありません。

## 付録 6

設問 24 : NGS 解析関連以外で、講習会として取り上げて欲しいものについて、計 27 件の生の記載内容を以下に示す。コメント内容は、基本的に記述内容を（漢字変換ミスも修整せずに）そのまま掲載しているが、改行はできるだけ取り払い、「。」や「:」の挿入のみ適宜行った。

コメント 1 : 統計解析やマスタデータ解析の中?上級編が欲しい。どの講習も基礎的なレベルで話を終わらせてしまうため、ステップアップにつながる講習会が欲しい。

コメント 2 : 結局のところ、多くの人がつまづくのが環境構築であり、例えば今回の python などは、自力で環境構築できないとそこへ進むことができません。そこは自力で頑張るように、と言われたらその通りなのですが、NGS 解析をされているような方の python 使用環境をどのように自力で立ち上げるかについて簡単な講義があるとより良いのではと感じました。

コメント 3 : 機械学習

コメント 4 : バイオインフォマティクスの基礎を座学でもいいので聞きたいです。

コメント 5 : プロテオーム解析の統計処理

コメント 6 : バイオインフォマティクス分野の最新の知見について。

コメント 7 : メタボローム

コメント 8 : テキストデータマイニングによる解析

コメント 9 : (たくさん教本が出てますけど。。。)

R を使って統計解析

コメント 10 : 上記のデータ加工は NGS に関連していてじつは NGS にはまったく関係してません。

コメント 11 : 自分が R が不慣れで色々な資料でやっているのですが、R の代表的な library の使い方などを実習でやっていただけると個人的には助かります。

コメント 12 : プロテオミクス解析

メタボローム解析

コメント 13 : 今回の、NBDC 紹介やデータベースの紹介セッションは情報として良かった。

コメント 14 : AI 講習会

コメント 15 : 多重比較などの統計処理

コメント 16 : ソフトをインストールするのに難易度の高いものがあると思いますが、そういったソフトのセットアップの手順を講義で説明してもらいたい。

Anaconda の使い方

コメント 17 : プロテオーム解析、メタボローム解析

コメント 18 : まだよくわかりません。

コメント 19 : バーチャルスクリーニングなどの創薬関連事項

コメント 20 : 1日集中などで WEB ベースのバイオインフォマティクスの解析ツールのオムニバス。

コメント 21 : 画像解析

コメント 22 : ・データ解析で得られたデータはどのように管理・共有するのが適切か? (解析自体の再現性の確保)

・計算用サーバーを使った解析(スケジューラーの使用方法など)

コメント 23 : - 研究結果を効率よくアピールできる 3D アニメ画像データの作成法

- メタボローム解析初心者講座

(質量分析データの知識ゼロだが担当となり困惑中)

コメント 24 : ・スパコンを使うような種々の解析

・構造解析

Spring-8 など普段あまり使わないような装置のデータについて言及しては

・画像解析

・機械学習等、プログラミングも入れた内容?

コメント 25~27 : 特にありません (3名)

## 付録 7

設問 25：ウェブで公開・提供して欲しいバイオインフォマティクス教材について、計 26 件の生の記載内容を以下に示す。コメント内容は、基本的に記述内容を（漢字変換ミスも修整せずに）そのまま掲載しているが、改行はできるだけ取り払い、「。」や「：」の挿入のみ適宜行った。

コメント 1：NGS 解析や統計解析でよく使う Linux コマンド応用事例集があれば欲しい。

コメント 2：それぞれの講義に必要なプログラムが入っている仮想環境用のファイルを公開ダウンロードできるようにしてしまうと、いろいろ便利だと思うのですが、配布は権利上難しいのでしょうか。

また、今回の HiC の講義はほぼ python でしたが、Jupyter notebook のファイルなどにして配布してしまえば皆自分で後々使いやすいのではと思いました。

コメント 3：Linux コマンドラインの公開

コメント 4：バイオインフォマティクスの基礎を提供をしてほしい。

実践的な教材を欲しいです。また、Windows 版での Dry 講習などがあればうれしいです。

コメント 5：今でも、大変よく公開していただいているので、十分、ありがたく思います。

コメント 6：マウスなどの実験において、KO した際に致死的な遺伝子かどうか判明するツールなどあれば便利かと思います。

コメント 7：各種 OS の更新状況に応じて、環境構築の情報を教材として定期的に更新して提供してもよいのではないのでしょうか。

今でもウエット系ですが、独学で入ったときには、ハード（パーツ）の選び方から OS の導入、種々のインストールではまるところはほぼはまり、Python 系の環境構築の際に anaconda にたどり着くまで回り道してしまった経験があります。、実際の解析が始まる前の段階で苦労がとて大きかったと思います。そうした面のハードルを up-to-date の情報で下げることは人材を増やす上で大事なことと感じます。もちろん、その苦労で身につくこともたくさんありましたが。ただ、今回のように仮想化マシンとして提供され、本質的に大事なことからまずは学んでいくことは教育的にとて大事だと感じました。仮想マシンの提供とは違う形で環境構築をすんなり行える教材は必要ではないかと思います。

コメント 8：十分に様々に公開してると思います。

コメント 9：RNASeq の解析方法。

**コメント 10 :** バイオインフォマティクスに必要な基本的な用語の解説

**コメント 11 :** linux 環境の整備に関する内容。マシンスペック、さまざまな解析ツールのインストール方法、使用法など。

**コメント 12 :** 自機に環境を構築しなくても解析の練習ができる教材(オンラインの実行環境・トレーニングキット)

**コメント 13 :** passway 解析関連

**コメント 14 :** TogoTV の膨大な資料から厳選して、〇〇解析の E ラーニングみたいな感じで、Web でバイオインフォマティクスの学習ができるコンテンツがあるといいなと思います。

**コメント 15 :** 解析手法毎にソフトウェア (フリー・市販品を含め) をまとめたデータベースがあればいいなと思います。

**コメント 16 :** ChIP-Seq 関連  
新しいパイプラインなどの情報

**コメント 17 :** 上記 2 3 に関する資料

**コメント 18 :** スクリプト関係の教材

**コメント 19 :** なんでもアップしてほしいです

**コメント 20 :** 同上

・バイオの人間向け機械学習の処理についてのまとめページはあると良いです。

**コメント 21~26 :** 今は特にありません。／特に思いつきません／まだよくわかりません。／すみません、今はわかりません。(各 1 名)、特になし (2 名)

## 付録 8

設問 26 : 本講習会で習得した知見・技術を踏まえ、次に必要または身につけたいと思う知見・技術について、計 28 件の生の記載内容を以下に示す。コメント内容は、基本的に記述内容を（漢字変換ミスも修整せずに）そのまま掲載しているが、改行はできるだけ取り払い、「。」や「:」の挿入のみ適宜行った。

コメント 1 : Perl、Python などの言語を用いてパイプラインを自作したい。

コメント 2 : 自分一人が研究室内で解析できても限界があり、研究室で現在自分が必要だと思うことが、他の人に教えてその人が自分でできるようになるということなので、そういったことに必要なものを身につけていきたいと考えています。

コメント 3 : Hi-C 解析ツールの使用法勉強します。また Python はある程度修得しないといけない気がしてきました。

コメント 4 : 現在身に着けた、知識を生かして決めていきたい。

コメント 5 : サーバー管理

コメント 6 : ヒトゲノム解析において、トリオ解析による *de novo* 変異の同定の方法など。

コメント 7 : Python で書かれた各種ツールのプログラムを読めるようにすること、それらを自分に合った形で組み合わせて使えるように、シェルスクリプトを書く力を身につけたい。

コメント 8 : R を使いこなせるようになりたいです。

コメント 9 : 上記に書きました。

(データ加工関連でしょうか。たとえば出力されたデータをグラフ化したりするなど。それぞれの解析で使われているの統計手法や解析理論の解析。)

コメント 10 : BioLinux をはじめとした解析ツールの習得。  
RNASeq にはどのように活かしていけば良いか学んでいきたい。

コメント 11 : HiC による実際のヒトゲノムの解析をできるようにしたいと考えています。

コメント 12 : Hi-C 解析  
ChIP-Seq 解析

コメント 13 : もっと幅広く、linux 環境を用いた解析について学びたい。マシンスペック、さまざまな解析ツールのインストール方法、使用法など。

コメント 14 : 不足を実感したので、各種バイオ解析に関する基礎知識の補充。解析で良く使用されるフリーソフトとその仕様について。

コメント 15 : シングルセル解析

コメント 16 : これから発現差解析の勉強をします

コメント 17 : バイオインフォマティクスの様々なツールの環境構築  
解析パイプラインを作製するためのテクニック  
shell,python,perl 等でもっと Linux を使いこなしたい

コメント 18 : マルチオミックス解析技術

コメント 19 : バイオインフォマティクス技術者試験に合格する！

コメント 20 : NGS 解析を用いたエピジェネティックマークの解析

コメント 21 : single cell 解析

コメント 22 : 遺伝子発現と神経疾患の研究をしており、疾患でクロマチン構造がどのように変化し、これが遺伝子発現に影響するのか、その病態への影響などを解明したい

コメント 23 : 「ゲノムアセンブリ後の各種解析」「メタゲノム解析」で学んだ知見及び技術

コメント 24 : python プログラミング

コメント 25 : 生物学関係のインフォマティクスならなんでも

コメント 26 : ・マイクロアレイと NGS のデータ比較をしたい。  
・エピゲノム解析に取り組みたい。  
・wet 実験の習熟

コメント 27~28 : 特に思いつきません (1名)、すみません、今はわかりません。(1名)



## 付録 9

設問 27：その他の要望、意見や改善提案について、計 20 件の生の記載内容を以下に示す。コメント内容は、基本的に記述内容を（漢字変換ミスも修整せずに）そのまま掲載しているが、改行はできるだけ取り払い、「。」や「：」の挿入のみ適宜行った。

**コメント 1**：また講習会に参加して、勉強をしたいです。

**コメント 2**：今後、新規参入者とすでにある程度のスキルを持っているものとのギャップが開いてくるとき、どちらをターゲットにして、講習を行うか。

個人的には、現在のように、毎年の積み重ねを前提としての講習会を継続していただけると良いと思いました。

**コメント 3**：バイオインフォマティクスと連携して研究を発展させていきたいと考えている。みなさんはどのようなコラボレーション（学際的研究）を実施されているのか、現状と将来展望のようなことを解説していただける時間があると、私のような者や、バイオインフォマティクスを目指す若い研究者にも役に立つと思いました。

**コメント 4**：RefEx 等、かなり役に立ちそうなツールを提示いただいたのも有難かったです。

**コメント 5**：Linux PC でマウスのトランスクリプトーム解析をほぼ独学でやってきたうえで一通り系統だてて学ぶ機会がほしいと思い今回、ゲノムアセンブリ後の各種解析(両日)を受けました。うまくいってれば必要以上に踏み込まずに必要な解析に労力をさくという基本的な態度であるとか、インフォマティクスが皆いろんな言語を使いこなしている訳ではないとか、本筋とは違うところでのいろんなコメントを聞いたことは良かったと感じています。一人でやっていると案外こういうことが見えなくなってしまう。考えてみれば、日常の実験でも、キット化されている内容についてブラックボックスの部分はある程度そのままに使い、必要なら試薬の組成にもこだわり特許まであたるということと似たようなものです。またこういうツールのこの機能が使いたいの本来の目的ではないけれど使うという場面がありました。これも、いろんなキットのパーツやプロトコルを組み合わせる新しいプロトコルを必要に応じて作るということに通じます。工夫して解決していくという際に必要な基本的態度は一緒かと感じました。当たり前のことかもしれませんが、実際の人を前にそう感じる事ができたのは、やはり大きいと思います。自前のデータを自前で解析したい、なんちゃってバイオインフォマティクスとしては心理的障壁を大いに下げてもらうことができました。

仮想化ソフトについて：今回、OSX 10.9.5, Win10 上で仮想マシンのファイル共有を事前に試した限り、VirtualBox よりも VMware workstation12 player の方が相性がよかったです。設定がシンプルであること、双方向でのドラッグ&ドロップによるファイル、ディレクトリのコピーに問

題ないこと、内蔵の別の HDD や外付け HDD のマウントも問題ありませんでした。ただし、後半の ova ファイルでのマウントだけ解決できませんでしたが、双方向でのドラッグ&ドロップは問題ありませんでした。短所は、OSX の VMware は有償しかないことです（ちなみに Parallels desktop は ova に対応していません）。

**コメント 6:** 事前の予習で分からないところを当日、質問し倒すのが講習会参加のメリットなので、講師の方は大変だと思いますが事前の資料配布をお願いいたします。

**コメント 7:** パワーポイント資料の並び順が講師によりまちまちであったこと。

**コメント 8:** 例えば、応募の際に、シェルスクリプトの簡単な試験を組み合わせ、クラス分けもしくは選抜などを行っても良さそうな気がしました。門田先生の講義の内容(環状 DNA やそれを判別する方法など)はとても興味深かったのですが、シェルのコマンドの部分などはシェルスクリプト経験者や予習者にとってはやや簡単すぎる内容が多かった気がします。

**コメント 9:** 教室は 1 日目が思ったよりも寒かったです。2 日目以降は何とか過ごせました。さらに椅子が固く、3 日目辺りから辛かったです。次の機会には、その辺の対策をして参加したいと思っています。

**コメント 10:** 門田先生は熱心でイケメンだったが、やや生徒の理解しなさ度、ついて来れてない度を気にしなさりすぎだったように思う。「ここまで出来てないヒト！」というのに誰も手を挙げないのを気にされたりなど。

**コメント 11:** 遠方の方向けにライブ配信はどうでしょうか。復習用に使用したいので、可能であれば早めに Youtube 動画をアップロードして頂けたら嬉しいです。

**コメント 12:** 今年も有意義な時間を過ごすことができました。お世話になりました。

**コメント 13:** Linux の基本操作がわかっていたら初日、2 日目は半日で済んだのではないか、その分事前予習の内容を再度行って予習の負担を軽くすることもできたと思う。逆に 3,4 日目の先生は門田先生に較べると講義に慣れていない。声が小さい。平成 27,28,29 にやったことでも動画と同じとは言わずに平成 30 年に繰り返し同内容やってもよいのではないのでしょうか。先生方大変でしょうが...

**コメント 14:** エアコンがうまいこと適温に設定されていたらよかったなど。

**コメント 15:** 「Hi-C 解析」

講義内で使用したスクリプトも、NGS ハンズオン講習会のサイトに掲載いただきたいです。ご検討  
よろしく願いいたします。

**コメント 16:** 過去の講義動画を(なっているものもあるが)トピックごとに視聴できるようにして  
いただきたいです

**コメント 17:** 生物学 (wet) で必要な予習範囲を指定してあるとなおやりやすいと思います。

**コメント 18:** ここ数年ずっと参加したかった講座でしたので、大変充実した一週間でした。  
運営に関わられた方々皆さまに感謝致します。どうもありがとうございました。

**コメント 19:** 休暇の取りやすい 8 月開催は継続して頂きたいです。夕方・夜開催でも出席可能で  
す。

**コメント 20:** 特にありません。(1 名)

## 付録 10

設問 29：備考として記入された計 10 件の生の記載内容を以下に示す。コメント内容は、基本的に記述内容を（漢字変換ミスも修整せずに）そのまま掲載しているが、改行はできるだけ取り払い、「。」や「：」の挿入のみ適宜行った。

コメント 1：また講習会に参加して、勉強をしたいです。

コメント 2：今回は NGS ハンズオン講習会に参加させていただき、誠に有難うございました。この経験を、まずは自分の実験に活かし、ゆくゆくはバイオインフォマティクスの分野にも貢献出来ればと考えております。今後とも御指導宜しくお願い致します。

コメント 3：毎年参加させてもらっています。本当にありがとうございます。運営お疲れ様でした。

コメント 4：大変貴重な経験をさせて頂き有難うございました。東京に不慣れな地方からの参加者にとって、10時半開始というのは大変便利な時間設定でした。

コメント 5：来年度もできれば参加したいです。

コメント 6：参加させていただいて有難うございました！

コメント 7：非常に有意義な 5 日間でした。どうもありがとうございました。

コメント 8：1. No. 27 のスクリプトの件ですが、掲載できない場合、今回の受講者にメールで配布いただけますでしょうか。ご検討よろしくお願いいたします。

2. 講義中にしばしば、「何度か来たことある人はわかると思うけど・・・」という言葉を目にしました。それが前提の講義なら、初参加の人と講習会を分けるべきかと思います。初めて参加する者は何も知りません。

細かなことですが、講義資料の置き場所についてもアナウンスが足りません。また、大変失礼ながら講師のレベルも低いと思いました。

無料とはいえ、こちらは仕事を中断して参加しておりますので、それなりのものを期待していません。今後はそのあたりもご配慮いただきたく存じます。

コメント 9：アンケートの回答が締切間近になり申し訳ありません。

この度は平成 29 年度 NGS ハンズオン講習会に参加させて頂き有難うございました。自分の大学では NGS 解析の勉強の機会が少ないため、このような講習会でハンズオンで勉強をできたことで今後の研究にとっても参考になっております。本当に有難うございました。またこのような講習会に参考させて頂く際は、宜しくお願ひ申し上げます。

コメント 10 : 貴重な機会に参加させて頂き有難うございました。