

# 大量ゲノムのためのバイオインフォマティクス講習プログラム 国立遺伝学研究所

ゲノムを含むオミックスデータを扱う生命データ・アナリスト養成を主眼に、ハンズオン形式の講習会（D-STEP講習会）を年2回実施。実施内容はビデオ撮影してオンライン教材としても提供。経済産業省「未来の教室」実証事業におけるバイオ関連スキル標準の策定にも貢献。

## 第2回D-STEP講習会

（日台Symposium on Evolutionary Genetics and Omicsの一部として開催）

- 開催日：2018年7月14日（土）
  - 場所：国立遺伝学研究所 研究員宿泊施設2階
  - 参加者：15名（台湾から10名一般5名、ほぼ定員）
  - プログラム（英語講習会）
- (1) Introduction to NIG Supercomputer and DDBJ
  - (2) Genome assembly and polymorphism analysis of plants
  - (3) Large-genome assembly using PacBio and Illumina reads



## 第3回D-STEP講習会

（日本バイオインフォマティクス学会と共催）

- 開催日：2018年11月12日（月）
  - 場所：理化学研究所横浜研究所交流棟
  - 参加者：100名（定員締切）
  - プログラム
- (1) 趣旨、簡単なメタボローム解析のイントロダクション
  - (2) GC-MSデータの前処理から化合物同定
  - (3) LC-MS/MSを用いたノンターゲットリポミクス
  - (4) LC-MS/MSを用いた親水性代謝物のプロファイリング
  - (5) 未知マススペクトルからの構造推定方法と演習
  - (6) 多変量解析の背景理論の説明
  - (7) 多変量解析演習



Large-genome assembly using  
PacBio and Illumina reads

