

脱 Dry! 脱 写経!

# ゲノムインフォマティクス演習

NGS 解析の初心者でも、世界中の公共 RNA-seq や ChIP-seq データを活用できるようになる

2月26日(水)

15:00-17:00

## ChIP-Atlas で遊ぶ

世界中のChIP-seqデータを  
利活用できる

遺伝子の上流因子や  
ヒストン修飾状態がわかる

疾患SNPに結合する  
転写因子がわかる

2月27日(木)

9:30-17:00

## ChIP-seq の解析術

公共データへのアクセスと  
利活用法を身につける

ChIP-seqやATAC-seqデータ  
の解析法を習得する

解析データを可視化し  
疾患メカニズムを考察する

2月28日(金)

9:30-17:00

## RNA-seq の解析術

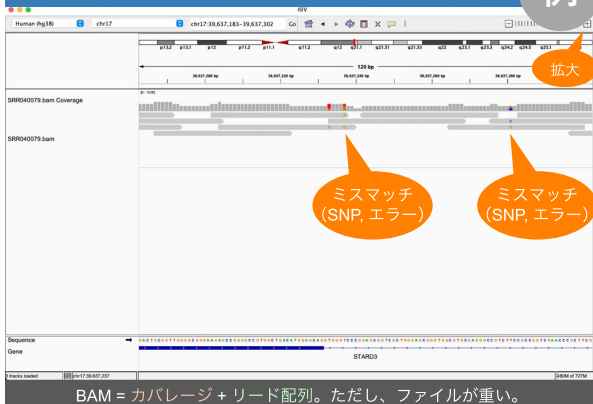
RNA-seqデータの解析法を  
習得する

解析データをグラフや  
ヒートマップで可視化する

差次的発現遺伝子の機能を  
考察し上流制御因子を予測する

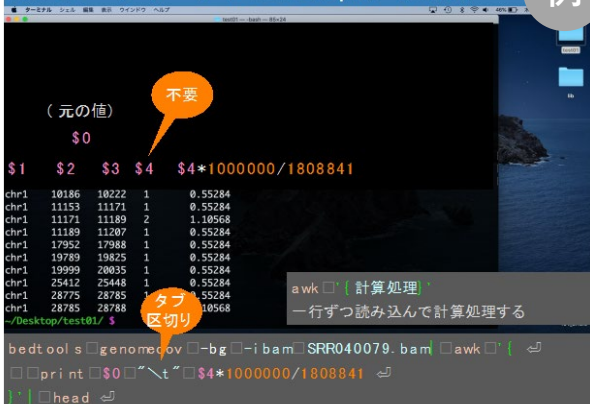
### 脱 Dry! Wet の観点からデータを見る

#### IGV で BAM を可視化



### 脱 写経! コードの意味を考えつつ実行する

#### カバレッジデータ ( BedGraph ) の作成



#### 対象者

バイオ系の企業/アカデミア  
研究者で、遺伝子発現制御に  
関わる研究をしている方

ドライ解析が未経験、または  
コードの写経だけで疲れて  
しまった経験のある方

全日程 (3日間)  
を通してご参加  
可能な方

#### 日時

2025 年  
2月26日 (水) 15:00-17:00  
2月27日 (木) 9:30-17:00  
2月28日 (金) 9:30-17:00

#### 申込

申込フォーム  
講座紹介動画  
締切

2025年1月31日



#### 会場

京都大学 MIC 棟  
1F セミナー室  
※完全オンサイト実施

#### 参加費

¥126,500 (税込)  
※ 3 日間の受講料  
+ パソコンレンタル料

#### 持参物

なし  
※ パソコン (Mac) は  
会場にて用意します

#### 講師

熊本大学 生命資源研究支援センター  
沖 真弥 教授

#### 連絡先

京大オリジナル株式会社  
kensyu@kyodai-original.co.jp

※やむを得ない事情により、内容が変更となる場合がございます。

主催 京大オリジナル株式会社  
Kyoto University Original Co., Ltd.

共催 京都大学大学院医学研究科  
創薬医学講座  
Department of Drug Discovery Medicine

脱 Dry！脱 写経！

# ゲノムインフォマティクス演習

NGS 解析の初心者でも、世界中の公共 RNA-seq や ChIP-seq データを活用できるようになる

## 講師

### 沖 真弥

熊本大学  
生命資源研究支援センター  
教授



10年以上にわたりマウスの発生生物学を研究してきたが、遺伝子の発現制御機構をデータ駆動的に理解したいと考え、世界中で行われたChIP-seq実験などのエピゲノミクスデータを統合したデータベース、ChIP-Atlasを開発した。その十数万件ものエピゲノミクスデータを統合的に分析することにより、遺伝性疾患のしくみの解明や、創薬ターゲットの探索などをおこなっている。また最近では、局所領域の遺伝子発現情報を高深度に検出できる空間トランスクリプトーム技術、photo-isolation chemistry (PIC) を開発している。局所的な細胞集団のプロファイリングが可能となるこの新技術と、上述のデータ解析手法を駆使した多元的アプローチにより、疾患原理の解明と診断や治療への応用をめざす。

## アシスタント

### 鄒 兆南

熊本大学  
生命資源研究支援センター  
助教



マウス初期胚の形態形成を中心に、発生生物学研究に取り組んでいたウェット研究者だったが、コストをかけずにアイデアを試せる自由さに惹かれ、ドライに転向。当初はプログラミングの知識が全くなく、なんとなく難しそうという先入観があったが、沖教授の助言と指導により、わずか数ヶ月でデータベースを開発したり、解析ツールを作ったりできるようになった。現在はウェットとドライの両面でデータ駆動型の創薬研究に挑んでいる。

## 過去参加者の声

- 丁寧な資料とわかりやすい説明、先生方のサポートで、バイオインフォマティクス初心者でもついていける内容であった。(製薬)
- Wetの研究者にもわかりやすく、基礎からご解説いただいた。(製薬)
- 短い期間ながら**基本的なことから実際の解析方法まで**学べるように工夫されていた。解析まで自分でやってみられたことで、自分の興味にも応用できそうだった。(京大)
- ど素人だったが、なんとか今まで論文で読んでいたデータがどのような処理のもとに出ているデータか、などがしっかりわかった。**外注して貯めていたデータなどをしっかり解析したい。**(製薬)
- ゲノムインフォマティクスに関する知識が全くない状態で受講したが、解析方法やどのように結果を応用するかなど、イメージすることができ、**ワクワクした。**(製薬)
- とてもわかりやすく、親切丁寧に教えてくださり、**バイオインフォマティクスが身近に感じられるようになった**ため(京大)
- 今回の講義を通じて、ドライの解析を身近に感じることができ、これまで以上にバイオインフォマティクスの世界に興味を抱けるようになった(企業)
- これまで、とっつきにくいと思っていたコマンドラインの操作に関して丁寧に解説いただき、**DryとWetをつなげて考えることができるようになった**(企業)
- 宣言頂いていた通り、**コンピューターの勉強ではなく研究の延長線上に**感じられた(企業)
- 全てが非常にわかりやすく、ゲノムインフォマティクスのみでなくコマンドラインの基礎からも勉強できたため、**様々な場面で応用が利かせられる**講習会であったと思う(企業)

申込

申込フォーム  
講座紹介動画



締切

2025年1月31日



連絡先

京大オリジナル株式会社  
kensyu@kyodai-original.co.jp

主催

京大オリジナル株式会社  
Kyoto University Original Co., Ltd.

共催

