

HPCI e-ラーニングコース

開講中～2016年3月31日まで受講可能

どなたでもお好きな時間にインターネット経由で学べるe-ラーニングです。「日中の講義に通学するのは難しい」「東京は遠すぎる」...といった方々に好評です。

バイオインフォマティクスを学ぶための基礎をはじめ、創薬インフォマティクス、グラフマイニングといった専門に特化したセミナーや、最新の研究事例を紹介するHPCIセミナーの60講義以上を収録しています。

画面サイズ可変システムを新規に導入し、タブレット端末でも見やすくなりました。



要受講登録 <https://hpci.cbrc.jp/modules/elearning/index.html>

登録後はすべてのe-ラーニングコースを受講できます。また、前年度まで受講されていた方も再登録が可能です。

HPCIセミナー e-ラーニングコース	最新のバイオインフォマティクスや計算科学の技術動向と成果を紹介したHPCIセミナーがe-ラーニングになりました。 ※平成23～25年度HPCIセミナーを収録。2015年6月現在28講義が視聴可能
バイオインフォマティクス e-ラーニングコース	わずか14講義で、数理・知識表現、ゲノム解析、タンパク質構造、生命システム解析といったバイオインフォマティクスの全体像を体系的に学ぶe-ラーニングです。 ※全14講義
バイオインフォマティクス(準備) e-ラーニングコース	バイオインフォマティクスの基礎を学ぶのに必要となるバイオ基礎(生物学・分子生物学基礎等)、情報技術基礎(確率・統計・アルゴリズム・データベース論等)を短時間で学ぶe-ラーニングです。 ※全6講義
創薬インフォマティクス e-ラーニングコース	LBDD(Ligand Based Drug Design)、SBDD(Structure Based Drug Design)の基礎を詳しく解説するe-ラーニングです。 ※全9講義
創薬インフォマティクス アドバンスト e-ラーニングコース	LBDD・SBDDの基礎を理解した方を対象に、創薬ターゲットであるGPCRに特化したモデリングやバーチャルスクリーニングのノウハウ、分子シミュレーション(MD)など、より実践的な内容を講義するe-ラーニングです。 ※全3講義
Graph Mining e-ラーニングコース	グラフデータのための統計的学習アルゴリズムについて詳しく学習します。バイオ情報に適用した事例も紹介します。 ※全3講義

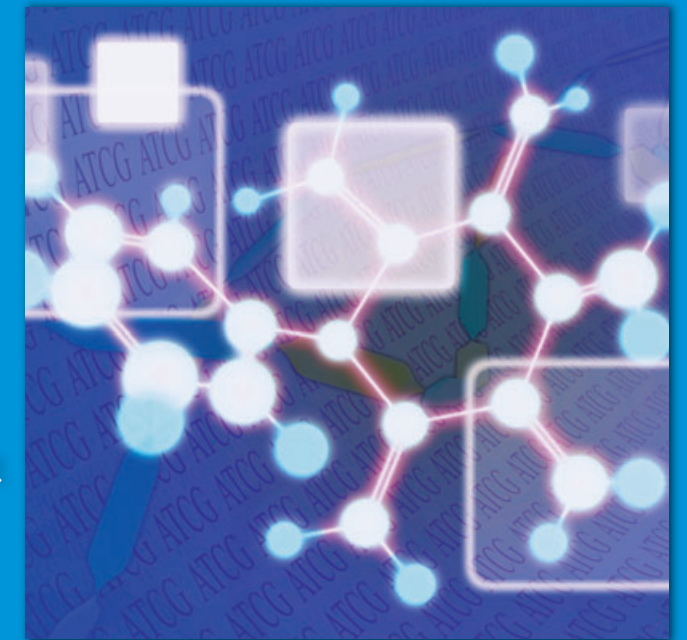
HPCI 人材養成プログラム 2015年度受講者募集

HPCI 講習会

バイオインフォマティクス実習コース
創薬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

HPCI e-ラーニング

HPCIセミナー e-ラーニングコース
創薬インフォマティクス e-ラーニングコース
創薬インフォマティクス アドバンスト e-ラーニングコース
バイオインフォマティクス(準備) e-ラーニングコース
バイオインフォマティクス e-ラーニングコース
Graph Mining e-ラーニングコース



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



HPCI(High Performance Computing Infrastructure)戦略プログラムは、①次世代スーパーコンピュータ(いわゆる「京」)を中核としたHPCIを最大限活用して画期的な成果を創出、②高度な計算科学技術環境を使いこなせる人材の創出、③最先端コンピューティング研究教育拠点の形成、を目指し、5つの戦略分野について、研究開発および計算科学技術推進体制の構築を推進する文部科学省補助事業です。
この人材養成プログラムでは、計算科学技術と生命科学をより高度に融合させることができる人材の養成を目指し、広く一般を対象としたセミナー、ワークショップ、講習会、e-ラーニングを実施しています。

HPCI ワークショップ

2015年10月30日 京都大学宇治キャンパス おうばくプラザにて「生命医薬情報学連合大会2015スポンサーセッション」として開催予定(共催)

HPCI セミナー

2015年10月16日～2016年1月22日 毎週金曜日 14:55～16:40 全12回
この他、神戸大学 遠隔講義(全15回)など多数のセミナーを開催いたします
詳細はウェブページをご覧ください。 <http://hpci.cbrc.jp/>

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 HPCI人材養成プログラム事務局
〒135-0064 東京都江東区青海2-4-7 <http://hpci.cbrc.jp/>



お問い合わせ

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 HPCI人材養成プログラム事務局
〒135-0064 東京都江東区青海2-4-7 産総研臨海副都心センター別館(バイオ・IT融合研究棟)
<http://hpci.cbrc.jp/> hpci-ml@aist.go.jp

バイオインフォマティクス実習コース

1人1台のPCを使用する計算機実習と講義をバランスよく取り混ぜたカリキュラムで、基礎から実践的な手法までを学びます。丁寧な指導が好評です。(敬称略)

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

A-1 Linux, Perl基礎 2015年9月18日(金) 講師 水谷健太郎(産総研)
次世代シーケンサーのデータ解析にも活躍するLinuxの基本操作とテキスト処理の実習を行います。本講義では、Windowsと共存できる仮想環境(VMware Player)上でのLinux OS(Ubuntu)を利用します。この環境は無料かつ手軽に利用でき、実践環境としても利用可能です。Perl基礎では、配列情報等の文字列処理に多用されているスクリプト言語Perlの基礎的なプログラミングの実習を行います。
※A-2 配列解析1、A-3 配列解析2を受講される方でLinux, Perl使用経験の無い方は合わせて受講ください。

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)~10月1日(木) 講師 須山幹太(九州大学)
次世代シーケンサーを用いた研究では、読み取った配列データをどのように解析するかがポイントとなります。このチュートリアルでは、上記「A-1 Linux, Perl基礎」と同じ Windows と共存できる仮想環境(VMware Player)上でのLinux OS(Ubuntu)を利用して、主にChIP-seq データ解析の手順(マッピング、可視化など)と各ステップの意味を理解することを目的とした講義および実習を行います。

LASTによるさまざまな配列解析
2015年10月2日(金) 講師 アニシュ・シュレスタ(東京大学)、マーティン・フリス(産総研)
本講座では、配列アライメントの基礎を簡単に紹介し、LAST (http://last.cbrc.jp)を用いて、次世代シーケンサー(NGS)データ解析を中心に、クォリティー情報を考慮したshort read alignment、フレームシフトを考慮したメタゲノムDNA対タンパク質アライメントなどの実習を行います。LASTはBLASTに類する汎用配列アライメントツールであり、NGSデータのような巨大なDNAデータセットの解析のために最適化されています。

A-3 配列解析2 2015年10月15日(木) 講師 今井賢一郎(産総研)
ミトコンドリアタンパク質を例として配列解析パイプラインを体験します。Linux上でデータベースをダウンロードして利用する方法の紹介、コマンドによるプログラム操作、Perlスクリプトを用いた解析情報の抽出などを行います。実習で使用するLinuxは上記「A-1 Linux, Perl基礎」と同じ、Windowsと共存する仮想環境上のものです。

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) 講師 水谷健太郎(産総研)
本講座では統計解析の基礎に関する講義を交えながら、Rにおけるデータの表現・扱い方、コマンド・関数の使い方、Rに用意されている統計関数の利用や、プロット作成などの解説と実習を行います。
※B-2 Rで塩基配列解析、B-3 多変量データ解析 / 遺伝子ネットワーク解析を受講される方でR使用経験の無い方は合わせて受講ください。

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) 講師 門田幸二(東京大学)
R上で利用可能な様々なパッケージを用いて、ゲノム(塩基配列)解析やトランスクリプトーム(RNA-seq)解析を行います。公共データの取得、マッピング、発現変動遺伝子検出など一連のデータ解析について解説します。基本的な部分は例年どおりですが、できるだけ最新情報も盛り込む予定です。

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)
講師 富永大介(産総研)、油谷幸代(産総研)
RおよびBioconductorを用いて、多変量解析による遺伝子発現解析を行います。また統計的解析に基づく遺伝子制御推定の講義とウェブツールを用いた実習を行います。

- 定員 各40名(先着順・最少催行人員2名)
- 受講申込 ホームページ <http://hpci.cbrc.jp/> からお申し込みください。各講座とも開講日の3か月前から受け付けを開始します。
- 講習会場 産総研 臨海副都心センター別館 8階 コラボレーションコーナー

創薬インフォマティクス実習コース



創薬インフォマティクスの基礎知識を計算機実習を交えて短期間に習得

ケモインフォマティクスとバイオインフォマティクスの融合領域である創薬インフォマティクスは、いまや創薬研究に欠かせない技術となっています。このコースでは、創薬研究の初期探索段階を効率化するための分子モデリング技術(C-1)とバーチャルスクリーニング技術(C-2)に焦点をあてたコースと、日頃創薬現場で研究業務に携わり、現状からもう一歩ステップアップしたい方を対象としたアドバンスコース(C-3)を開催します。今年度の特論は、創薬等支援技術基盤プラットフォーム事業参画研究者による招待講演を予定しています。



C-1	化合物情報概論・実習	2015年 7月 2日(木)~ 7月 3日(金)
C-2	インシリコスクリーニング概論・実習	2015年 7月 9日(木)~ 7月10日(金)
C-3	アドバンスコース	2015年 7月30日(木)~ 7月31日(金) 8月 6日(木)~ 8月 7日(金)

- 講師 広川 貴次(産総研 創薬分子プロファイリング研究センター) (敬称略)
- 特論講師 C-1,C-2 本間 光貴(理化学研究所 横浜研究所 生命分子システム基盤研究領域)
C-3 池口 満徳(横浜市立大学 大学院生命医科学研究科)
- 定員 20名(先着順、最少催行人員2名)
- 受講申込 ホームページ <http://hpci.cbrc.jp/> からお申し込みください。
- 講習会場 産総研 臨海副都心センター 別館8階 コラボレーションコーナー

※2015年度は大阪会場の開催予定はありません。
※創薬インフォマティクス実習コースは 創薬分子プロファイリング研究センター との共催です。
※創薬インフォマティクス実習コースは 創薬等支援技術基盤プラットフォーム の後援を受けています。

HPCI チュートリアルセミナー

他機関と連携し、各地で様々な講習会を開催してまいります。

D	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
NBDC運営委員会人材育成分科会において策定されたカリキュラムに基づき初めて開催した平成26年度「速習」の実績を踏まえ、講義内容の改善等を行い、ハンズオンに特化した、より効果的なNGS講習会です。 日時:2015年7月22日~8月6日(7月31日(金)および土日を除く) 10:30~18:15 会場:東京大学農学部2号館2階第1講義室 主催:JST NBDC(バイオサイエンスデータベースセンター)/東京大学アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット	

F	並列配列相同検索プログラム「GHOST-MP」講習会
「生命医薬情報学連合大会2015」において高速な配列相同性検索プログラムGHOST-MPの講習会を開催し、SCLS 計算機システム(京互換機)を用いた実習などを行います。 講師:秋山 泰、石田 貴士、角田 将典(東京工業大学) 予定 日時:2015年10月30日(金) 15:30~17:00 会場:京都大学宇治キャンパス おうばくプラザ 共催:HPCI戦略プログラム 分野1 受講料:無料(ただし生命医薬情報学連合大会2015の参加登録<有料>が必要です。) 受講者には実習用ノートPCをご持参いただきます(見学のみ可)。申し込み方法他、詳細はホームページをご覧ください。	