

研究会・地域部会の報告書

提出者： 福島 敦史 / 提出日： 2025 年 9 月 24 日

研究会・地域部会名	Bioconductor
代表者(所属機関名)	福島 敦史 (京都府立大学大学院生命環境科学研究科)
タイトル(イベント名)	第 2 回 Bioconductor Carpentries 日本語ワークショップ
日時	2025 年 9 月 11 日-12 日
場所	京都三大学教養教育研究・推進機構 稲盛記念会館 講義室 101 + オンライン (Zoom)
共催団体	日本バイオインフォマティクス学会
後援団体	
参加人数	現地 5 人 オンライン 34 人
<p>目的：RNA-seq は標準的なトランスクリプトーム解析手法となり、そのデータ解析を「実験系研究者も自身で行えるようになる」必要が生じている。本ワークショップでは、研究者や学生を対象にしたオープンな教育コミュニティ The Carpentries が提唱するスタイルに則り、Bioconductor の RNA-seq 解析パッケージ作者達が作成した教材の知識を日本語で伝えた。</p>	
<p>概要：https://bioconductor-translations.github.io/bioc-rnaseq-ja/ (6 章をのぞく全章) の教材が意味するところの口頭説明と R ライブコーディングワークショップを行った。参加者は自身のパソコンで講師のコード解析を再現し手を動かして学んだ。内容は 1 章が RNA-seq 技術の基本知識+アウトカムを構成する要素の分離・レプリケートの必要性・交絡因子の理解+リードマッピングからカウントデータ行列の作成への流れ[この章ではコーディングは無し]、2 章が RStudio を用いたプロジェクト管理、3 章がカウントデータ行列へのアノテーション付け、4 章が Exploratory Data Analysis (EDA) とクオリティコントロール、5 章が DESeq2 を用いた Differential Expression Analysis、7 章が Gene Set Enrichment Analysis [Over Representation Analysis (ORA)] であった (11 日は 1-4 章、12 日は 5,7 章)。</p>	
<p>成果および感想： カウントデータ行列の作成以降の典型的な RNA-seq 解析の R コーディングを参加者に実体験してもらうことができた。ただし、今回取り上げた教材内容はハイレベルであり、教材のすべてを理解していただくまでには至らなかった。今後、本教材のさらなる検討および研究とともにワークショップ内容の改善の必要性を強く感じた。また、本教材が日本にも広まり、各地で教え合う文化が生まれれば、日本のバイオインフォマティクスのレベルは確実に底上げされると考えられる。今後は「RNA-seq 解析に関するよ</p>	

り簡単な内容をベースとして身につけてもらえる」ワークショップを加えて
行い、そのベースの上で今回のワークショップの内容も深く理解できるよ
うな取り組み（今回 2 日間で行ったことをより長い期間でゆっくりじっくり学
ぶ等）が必要と考える。