

슈퍼컴퓨터 기반 빅데이터 분석 역량 확보 교육 안내

□ 교육 목적

- 농업 및 생명·보건 분야 연구자의 슈퍼컴퓨터 사용 역량 강화
- 빅데이터 활용 연구를 기획·수행할 수 있는 실무적 능력 함양

□ 개요

- 일자 및 장소: 2026. 7. 9.(목) ~ 7. 31.(금), 본청 정보화교육장*
* 전북특별자치도 전주시 덕진구 농생명로 300, 본청 오른편 종합연찬관 1층
- 교육 대상: 농촌진흥청, 기업, 대학 등 농업 및 생명·보건 분야 연구자*
* 모집 범위: 강의별 상이(1~5강: 전북지역, 6~7강: 전국)
- 신청 기간: 2026. 6. 23.(화) ~ 7. 2.(목) * 7.3(금) 수강 대상 확정 안내
- 신청 방법: 신청서를 메일로 제출(rdasupercom@korea.kr) 또는 온라인 수요조사서 제출(<https://naver.me/5LQvDdpR>)

□ 교육 시간표

	강의 주제	온/오프	교육일	교육 시간*
선택형 참여	1) 생명정보 분석을 위한 리눅스·파이썬 기초	오프	7/9(목)	9:00 - 18:00
	2) GWAS 분석	오프	7/23(목)	10:00 - 17:00
	3) DNA-seq 분석 - WGS / 서열변이 분석	오프	7/24(금)	10:00 - 17:00
	4) RNA-seq 분석 - 전사체 / DEG 분석	오프	7/29(목)	10:00 - 17:00
	5) Microbiome 분석	오프	7/30(금)	10:00 - 17:00
	6) 유전형 데이터 기반 딥러닝 표현형 예측 모델 개발	오프	7/27(월)	10:00 - 17:00
	7) 농촌진흥청 HPC 활용 서열변이 분석 심화 실습	오프	7/31(금)	10:00 - 17:00

* OT(온라인) 진행 여부 및 시간은 수강 대상 확정 안내 시 안내

* 교육 시간: 점심시간 1시간 제외

* 선수 지식: 수업 참여 시 리눅스 및 R, 파이썬 명령어 사용 방법에 대한 사전 지식 필요(교육별 상이)

1. 생명정보 분석을 위한 파이썬 기초

강의 내용	<ul style="list-style-type: none"> • 프로그래밍 및 리눅스 기초 이론 및 실습 <ul style="list-style-type: none"> - 프로그래밍 학습의 필요성 - 리눅스 기본 명령어 - vi 사용법 및 설정 • 파이썬 기초 이론 및 실습 <ul style="list-style-type: none"> - 파이썬 개요 - 대화형 모드와 스크립트 모드 실행 방식 이해 - 변수, 자료형, 자료형 변환 - 연산자와 연산자 우선순위 - 표준입출력 및 예외처리 • 파이썬 문법 심화 이론 및 실습 <ul style="list-style-type: none"> - 조건문과 반복문 - 문자열, 리스트, 튜플, 딕셔너리, 집합 - mutable과 immutable - 얇은 복사와 깊은 복사 • 함수, 파일 처리 및 정규 표현식 이론 및 실습 <ul style="list-style-type: none"> - 함수와 파라미터 - 파일 읽고 쓰기 - 예외처리를 포함한 파일 처리 - 정규 표현식 기초 및 활용 • 농촌진흥청 HPC 접속 및 HPC에서 파이썬 스크립트 실행 				
교육 방법	오프라인 교육 8시간	선행지식	-	모집범위	전북지역

2. GWAS 분석

강의 내용	<ul style="list-style-type: none"> • Linkage Map 등 기본 이론 • GWAS 분석 방법 <ul style="list-style-type: none"> - workflow, 단계별 분석 도구와 입/출력 데이터 - 분석 과정 설계 방법/결과활용/결과 시각화 방법 - 동물(인간)과 식물, 미생물 분석 차이점 • GWAS 분석 실습 • 슈퍼컴퓨터를 사용한 GWAS 분석 				
교육 방법	오프라인 교육 6시간	선행지식	리눅스, R	모집범위	전북지역

3. DNA-seq 분석 - WGS / 서열변이 분석

강의 내용	<ul style="list-style-type: none"> • WGS 데이터의 기본 이론 • WGS 분석 과정 <ul style="list-style-type: none"> - workflow, 단계별 분석 도구와 입/출력 데이터 - 분석 과정 설계 방법/결과활용/결과 시각화 방법 - 동물(인간)과 식물, 미생물 분석 차이점 • WGS 분석 실습 <ul style="list-style-type: none"> - 슈퍼컴퓨터를 사용한 variant calling 				
교육 방법	오프라인 교육 6시간	선행지식	리눅스, R	모집범위	전북지역

4 RNA-seq 분석 - 전사체 / DEG 분석

강의 내용	<ul style="list-style-type: none"> • 전사체 데이터 분석 기본 이론 • 전사체 데이터 분석 과정 <ul style="list-style-type: none"> - workflow, 단계별 분석 도구와 입/출력 데이터 - 분석 과정 설계 방법/결과활용/결과 시각화 방법 - 동물(인간)과 식물, 미생물 분석 차이점 • DEG 분석 실습 • 슈퍼컴퓨터를 활용한 전사체 분석 				
교육 방법	오프라인 교육 6시간	선행지식	리눅스, R	모집범위	전북지역

5. Microbiome 분석

강의 내용	<ul style="list-style-type: none"> • Qiime2 툴 기반 앰플리콘, 메타게놈 시퀀싱 데이터 분석 방법 <ul style="list-style-type: none"> - 앰플리콘, 메타게놈 시퀀싱 데이터 전처리 - ASV 또는 OUT 생성 - Taxonomic profiling - 다양성 분석 (alpha-, beta- diversity) - Qiime2 기반 확장 플러그인 사용 방법 • Microbiome 분석 실습 • 슈퍼컴퓨터를 사용한 microbiome 분석 				
교육 방법	오프라인 교육 6시간	선행지식	리눅스, R	모집범위	전북지역

6. 유전형 데이터 기반 딥러닝 표현형 예측 모델 개발

강의 내용	<ul style="list-style-type: none"> • 유전형 데이터 및 표현형 예측 개념 <ul style="list-style-type: none"> - VCF 데이터 구조 및 유전형 데이터 이해 • 유전형 데이터 전처리 <ul style="list-style-type: none"> - VCF 품질관리 및 변이 필터링 - 딥러닝 입력용 데이터 변환 • GWAS 결과 활용 <ul style="list-style-type: none"> - GWAS 분석 결과 이해 및 주요 SNP 및 후보 영역 선별 • 딥러닝 기반 표현형 예측 모델 개발 <ul style="list-style-type: none"> - MLP, 1D-CNN 등 기본 딥러닝 모델 구조 이해 - 유전형 데이터를 활용한 표현형 예측 모델 학습 • 슈퍼컴퓨터 기반 병렬 학습 및 병렬 작업 <ul style="list-style-type: none"> - 딥러닝 모델 학습 - 파라미터 조합별 병렬 작업 수행 및 결과 해석 				
교육 방법	오프라인 교육 6시간	선행지식	리눅스, 파이썬	모집범위	전국

7. 농촌진흥청 HPC 활용 서열변이 분석 심화 실습

강의 내용	<ul style="list-style-type: none"> • 슈퍼컴퓨터 활용 WGS 분석 (심화) <ul style="list-style-type: none"> - 스크립트 작성 노하우 및 작성 시 주의할 점 - 작업 분배를 위한 스크립트 작성 방법 및 NABIS Job Manager 활용법 - 슈퍼컴퓨터 활용 유전변이 분석 스크립트 작성 실습 - AgroOmicsSo 활용법 				
교육 방법	오프라인 교육 6시간	선행지식	리눅스	모집범위	전국

교육 신청 기본 정보					
1	이름	홍 길동			
3	연락처	010-1234-5678			
4	이메일	aaaa@korea.kr			
6	거주지	oo도 oo군			
7	소속 및 직위	농촌진흥청 oo원 oo부 oo과 연구사/연구원/전문연구원 oo대학교 oo대학 oo과 대학원생/교수			
수강 희망 교육					
	강의 주제	온/오프	선행지식	교육일	신청
필수	OT	온라인	-		필수
선택형 참여	1) 생명정보 분석을 위한 리눅스.파이썬 기초	오프	-	7/9(목)	
	2) GWAS 분석	오프	리눅스,R	7/23(목)	○
	3) DNA-seq 분석 - WGS / 서열변이 분석	오프	리눅스,R	7/24(금)	○
	4) RNA-seq 분석 - 전사체 / DEG 분석	오프	리눅스,R	7/29(목)	
	5) Microbiome 분석	오프	리눅스	7/30(금)	
	6) 유전형 데이터 기반 딥러닝 표현형 예측 모델 개발	오프	리눅스, 파이썬	7/27(월)	○
	7) 농촌진흥청 HPC 활용 서열변이 분석 심화 실습	오프	리눅스	7/31(금)	
<p>* 각 교육은 선착순 40명 정원입니다. 대기자에게 교육 기회 제공을 위해 교육에 참여하지 못할 경우 수업 2일 전까지 미참여 의사를 밝혀주시길 바랍니다.</p> <p>* 무단 불참 및 조퇴 시에는 이후 강의 참여 및 신청이 제한될 수 있습니다.</p> <p>* 1~5강 교육은 ICT이노베이션확산사업 연계 교육으로, 각 수강자는 교육 수행 기관인 TMD교육그룹에 별도 신청서를 제출하셔야 합니다(교육수강자 확정 후 안내).</p> <p><input type="checkbox"/> 동의합니다 <input type="checkbox"/> 동의하지 않습니다. (미동의 시 교육 신청 불가)</p>					
개인정보 수집 및 이용 동의					
<p>개인정보보호법 제15조 1항(개인정보의 수집·이용)에 의거하여 아래와 같이 개인 정보를 수집 및 이용하는 것에 동의합니다.</p> <p>1. 개인정보의 수집·이용 목적 : 슈퍼컴퓨터 기반 바이오 빅데이터 분석 역량 확보 교육 진행</p> <p>2. 수집하는 개인정보 항목: 성명, 소속, 거주지, 전화번호, 이메일주소</p> <p>3. 개인정보 보유 및 이용 기간: 개인정보를 제공한 날로부터 1년</p> <p><input type="checkbox"/> 모두 동의합니다 <input type="checkbox"/> 동의하지 않습니다. (미동의 시 교육 신청 불가)</p>					