

第1回NGSデータハンドリング実習(mRNA-seq基礎編)

高速シーケンサー(HTS, NGS)から得られるシーケンスデータのハンドリング方法を学ぶ実習です。
第1回の実習では、mRNA-seqで得られた配列ファイル(fastqファイル)を題材とし、データのquality controlの方法、ゲノムへのマッピング、ゲノム図の利用方法、遺伝子発現量の定量方法などを取り扱います。
医学研究支援センターで運用しているIon Protonシーケンサーの他、Illuminaなどの高速シーケンサーで得られたシーケンス結果の取り扱いにも対応した内容です。

日時: 2018年9月11日(火) 13:00-16:30

* 実習の進み具合により終了時間が前後する場合があります。

定員: 6名 (先着順、定員に達し次第募集終了)

場所: 総合解剖センター棟4階東側 医学研究支援センター 共用解析室

* 当日は会場に直接お越しください。建物には必ず東側入口よりお入りください。

講師: 飯田 慶 (医学研究支援センター、特定助教)

申込方法: メール (2018年9月5日(水) 13:00 締め切り)

件名に「第260回説明会参加申込」、

本文に①氏名・②所属名(研究室名等)・③職名または学年を明記の上、
下記アドレス宛にお送り下さい。

* 医科学修士の方は「平成30年度医学研究技術実習」受講時間認定希望の有無も記載して下さい。



=== 説明会・機器利用に関する連絡・問い合わせ先 ===

京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター(総合解剖センター棟4階)

メール: info@support-center.med.kyoto-u.ac.jp

URL: <http://support-center.med.kyoto-u.ac.jp/SupportCenter>

	この説明会は「平成30年度 医学研究技術実習」 受講時間にカウントされます 受講時間: 4時間		案内 HP
			連絡用 メール アドレス

第1回NGSデータハンドリング実習（mRNA-seq基礎編）

【スケジュール】

13:00 - 13:30	NCBI SRAからの配列ファイル(fastq)の取得
13:30 - 14:00	塩基配列のクオリティーの確認
14:00 - 14:30	低クオリティー配列等の除去
14:30 - 15:10	rRNA等に由来する配列の除去
15:20 - 15:40	ゲノムDNAへのマッピング
15:40 - 16:00	マッピング結果の確認、ゲノムブラウザの使用
16:00 - 16:30	遺伝子発現量の定量

【事前準備】

ノートPC(メモリ8GB以上)を各自でご用意ください。

記録容量:50GB程度が必要です

(実習の全工程を実行するためには150GB程度が必要です)。

Linux/Unixシステムが動作する必要があります。

Linux/Unixシステムの基本操作に習熟していることが望ましいです
(プログラミングスキルは必要としません)。

=== 説明会・機器利用に関する連絡・問い合わせ先 ===

京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター(総合解剖センター棟4階)

メール: info@support-center.med.kyoto-u.ac.jp

URL: <http://support-center.med.kyoto-u.ac.jp/SupportCenter>