

第4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。
この実習では、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:2019年10月3日(木) 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

* 定員を超える申込があった場合、参加者を調整します。予めご了承ください。

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 (2019年9月20日(金) 13:00 締め切り)

件名に「第323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、

④Linux/Unixシステムの習得度(次ページ1~3)を明記の上、

下記アドレス宛にお送り下さい。



=== 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「2019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4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	mRNA-seqデータ(fastq)の確認
13:30 - 14:00	低クオリティー配列等の除去
14:00 - 15:00	ゲノムDNAへのマッピング
15:10 - 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を各自でご用意ください。ノートPC上の仮想マシンにおいてメモリ5GB以上、記憶容量20GB、Ubuntu18.04LTSが軽快に動作する程度のスペックが必要です。実習には無線LAN (KUINS-airもしくはeduroam)を使用します。

Linux/Unixシステムの習得度に応じて以下のいずれかを選択してください。

1. コマンドラインでの操作、ライブラリのインストールなどが独力で可能な方。
→ 任意のLinux/Unixシステムを準備した上でご参加ください。
2. 1.以外の方で、コマンドラインでの操作やLinux/Unixのディレクトリ構造について十分な理解がある方。
→ 推奨環境(virtual box + Ubuntu18.04LTS)を準備した上で、ご参加ください。
3. 上記以外の方。
→ 推奨環境を準備した上で、当日の午前に開催されるUnix基本操作講習会(第322回共用研究機器説明会)への参加が必要です。