京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター 第323回共用研究機器説明会

第4回NGSデータハンドリング実習(mRNA-seq基礎編)

高速シークエンサー(HTS, NGS)から得られるシークエ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シークエンサーの他、Illuminaなどの高速シークエンサーで得られたシークエ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。

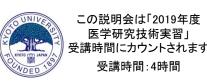
=== 説明会・機器利用に関する連絡・問い合わせ先 ===

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: <u>info@support-center.med.kyoto-u.ac.jp</u>

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







案内 HP

神 連絡用 メール アドレス

京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター 第323回共用研究機器説明会

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 | 惟認 |
|-----------------------------------|----|
|-----------------------------------|----|

13:30 - 14:00 低クオリティ一配列等の除去

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。