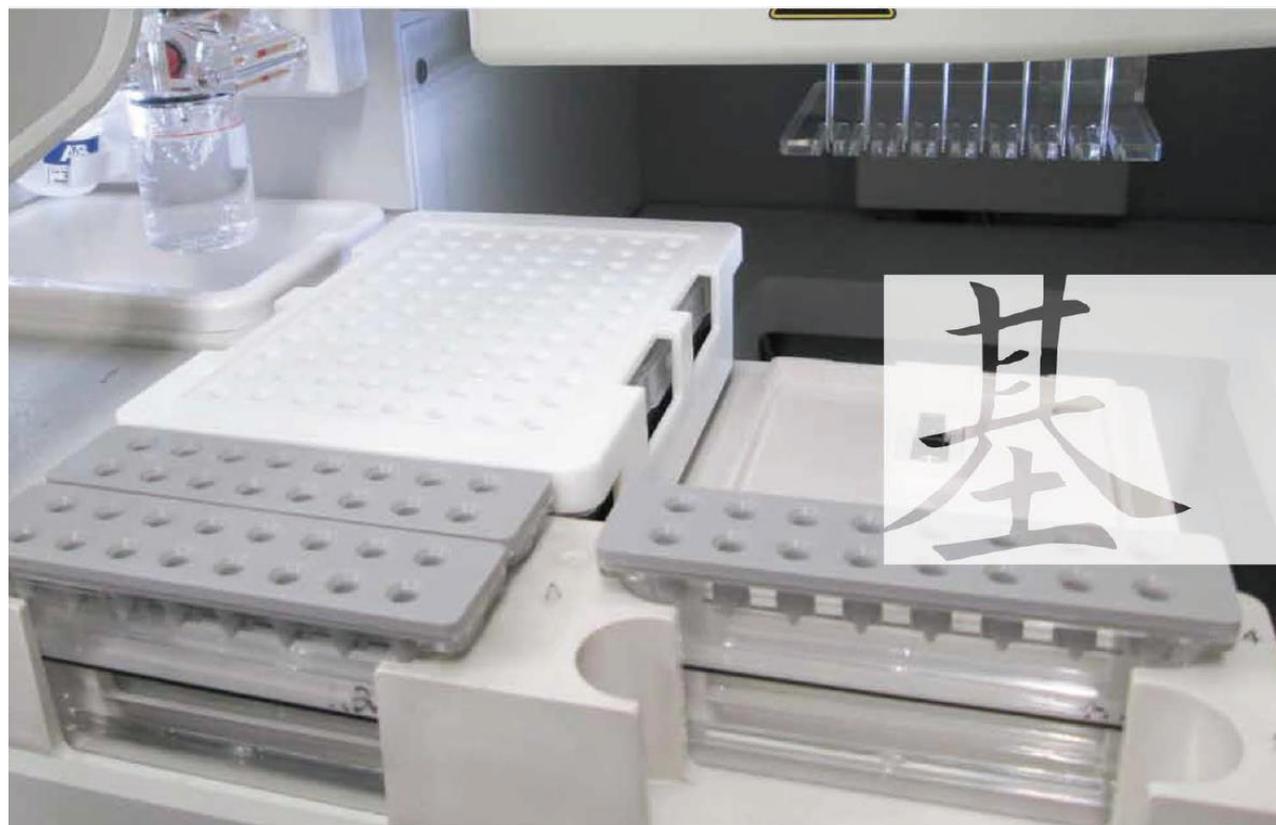


# 医学研究支援センター 遺伝情報解析室の紹介



医学研究科 医学研究支援センター  
出縄 政嗣  
技術専門職員

# 目次

1. 概要
2. DNAシーケンス受託解析
3. フラグメント解析
4. 遺伝情報解析室セミナー
5. その他

# 目次

1. 概要
2. DNAシーケンス受託解析
3. フラグメント解析
4. 遺伝情報解析室セミナー
5. その他

# 遺伝情報解析室について

設置年月	2011年11月
室長	萩原 正敏（教授）
担当教官	-
構成員	技術専門職員1名（iSAL設備S推進室・DDC兼務） （6月末に技術補佐員が対象したため現在募集中）
所在地	吉田キャンパス医学部構内 総合解剖センター棟4階
主な支援	DNAシーケンス受託解析、フラグメント解析（泳動のみ） 遺伝情報解析室セミナー開催
終了・休止した支援	IonProtonを用いた高速シーケンサー受託解析、 バイオインフォマティクス受託解析
メールアドレス	infoseq@support-center.med.kyoto-u.ac.jp
URL	<a href="https://support-center.med.kyoto-u.ac.jp/SupportCenter/dna">https://support-center.med.kyoto-u.ac.jp/SupportCenter/dna</a>

# 目次

1. 概要
2. DNAシーケンス受託解析
3. フラグメント解析
4. 遺伝情報解析室セミナー
5. その他

# DNAシーケンス受託解析：概要



3500xL Genetic Analyzer  
(ThermoFisherScientific)

- キャピラリーシーケンサー3500xLを用いたDNAシーケンス受託解析を行っています。
- 学内限定サービスです。
- サンプルを午前に提出すれば翌開室日午前、午後提出すれば翌々開室日午前にデータを返却します。  
(混み具合等によってずれることはあります。)
- 英語対応可

# DNAシーケンス受託解析：概要



3500xL Genetic Analyzer  
(ThermoFisherScientific)

- 利用負担金価格（1サンプル当たり）

シーケンス反応～泳動 ... **480円**

泳動のみ ... **220円**

（2023年4月利用負担金改定により、医学研究科以外の方も上記の価格適用となりました。）

- シーケンス反応条件をカスタムしても利用負担金価格は変わりません。

# DNAシーケンス受託解析：実績



3500xL Genetic Analyzer  
(ThermoFisherScientific)

- 医学研究支援センター開設2011年11月から  
2024年3月末までに

**延べ17,820名**

**合計230,514サンプル**

の利用実績があります。

# DNAシーケンス受託解析：依頼方法

詳細は[HP「依頼方法（KUMaCoマニュアル「6.DNAシーケンス受託解析」）」](#)をご確認ください。

▶ 機器利用FAQs

遺伝情報解析室

質量分析室

蛍光生体イメージング室

マウス行動解析室

小動物MRI室

合成展開支援室

サンディエゴ研究施設

先端バイオメディシン室

リンク



## 利用方法

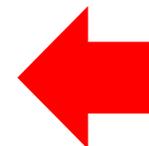
利用される方は、予め[KUMaCoのページ](#)からiSAL利用登録を行ってください。登録は毎年度必要です。

利用登録がお済みの方は、KUMaCoマイポータルから依頼してください。依頼書を印刷し、調製したサンプルとともに下記までお持ちください。解析後のデータは利用登録したメールに送付いたします。

- サンプル提出場所：医学部構内 総合解剖センター棟東館4階402
- 受付時間：平日 9:30～17:00

## ダウンロード

- [内規・利用負担金価格](#)（価格は受託解析内規別表をご覧ください）
- [依頼方法（KUMaCoマニュアル「6.DNAシーケンス受託解析」）](#)（iSAL HPに掲載しているものと同じものです）
- [DNAシーケンス受託解析利用の手引き\(2022年5月版、PDF\)](#)
- [KUMaCo依頼用サンプルネームシート（1～48サンプル用、EXCEL）](#)
- [KUMaCo依頼用サンプルネームシート（49～96サンプル用、EXCEL）](#)
- [DNAシーケンス受託解析を効率よく利用して頂くために\(2019年4月版、PDF\)](#)



# DNAシーケンス受託解析：依頼方法

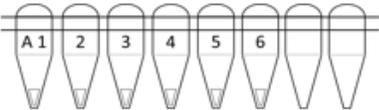
[HP](#)からサンプルネームシート（EXCELファイル）をダウンロードして、サンプル名のリストを準備してください。

1 サンプルネームシート(8ウェルチューブ用、48サンプルまで)  
 2 Sample Name Sheet (For 8 well PCR tube, up to 48 samples)

3  
 4 Sample Nameとして使用できる文字は、半角アルファベット、半角数字、および以下の各記号【\_ ( ) { } # . -】のみです。  
 5 スペースは使用できません。Sample Nameの総文字数は、20文字以内して下さい。  
 6 サンプル数が48より多い場合にはエクセルテンプレートをHPよりダウンロードして使用して下さい。  
 7 You can use single byte Alphabet, Arabic numbers and signs { \_ ( ) { } # . - } for sample names.  
 8 You can't use white space. The name length should be less than or equal to 20. If the number of samples exceeds 48, please use the EXCEL sheet from our web-site.

0ウェルチューブポジション Positions in 8-well tubes	サンプル名 Sample Names	0ウェルチューブポジション Positions in 8-well tubes	サンプル名 Sample Names
A	1	D	25
	2		26
	3		27
	4		28
	5		29
	6		30
	7		31
	8		32
B	9	E	33
	10		34
	11		35
	12		36
	13		37
	14		38
	15		39
	16		40
C	17	F	41
	18		42
	19		43
	20		44
	21		45
	22		46
	23		47
	24		48

37 チューブへの番号の付け方How to Number Tubes  
 38 サンプルの入っているウェルに番号をつけ、左隣のウェルに0ウェルチューブ標準アルファベット【A-F】を記入して下さい【下の図参照】  
 39 Please write numbers on each tube, and also alphabet (A-F) on the left end tube as follows.



40  
41  
42  
43  
44  
45  
46  
47  
48  
49

シーケンサーサンプルシート

# DNAシーケンス受託解析：依頼方法

依頼はKUMaCoマイポータルから起案してください。

ようこそ、DDC管理用さん

マイポータル > DNAシーケンス([医]遺伝情報解析室) > 依頼一覧

運用年度 2023年

MENU

医学・生命科学研究支援機構  
Innovative Support Alliance for Life Science

共用研究機器([医]ドラッグディスカバリーセンター)  
Research Instruments (Drug Discovery Center/Med)

化合物ライブラリ・受託解析([医]ドラッグディスカバリーセンター)  
Chemical Compound Library & Contract Service (Drug Discovery Center/Med)

共用研究機器([医・生命]蛍光生体イメージング室)  
Research Instruments(Live Imaging Center)

受託解析([医・生命]蛍光生体イメージング室)  
Contract Service (Live Imaging Center)

NGS・バイオインフォマティク

DNAシーケンス([医]遺伝情報解析室) / DNA Sequencing Analysis (Grad Sch of Med)

依頼一覧 / Request List

状態 -- 選択してください --

プロジェクト番号

表示 View

新規登録申請 Request Registration

依頼番号 Request Number	サンプル数 Number of Samples	委託内容 Operation	反応条件 Cycle Sequencing Program	泳動条件 Electrophoresis Mode	状態 Status	料金 Price	依頼申請日 Request Date	プロジェクト番号 Project Number
M-23060805	8本	反応と泳動	通常条件	どちらでも	依頼完了(未請求)	¥3,840	2023/06/08	000000000000

# DNAシーケンス受託解析：依頼方法

必要事項を入力して申請すると…、

ようこそ、DDC管理用さん マイポータル

**MENU**

- 医学・生命科学研究所支援機構  
Innovative Support Alliance for Life Science
- 共用研究機器(医/ドラッグディスカバリーセンター)  
Research Instruments (Drug Discovery Center)
- 化合物ライブラリ・受託解析(医/ドラッグディスカバリーセンター)  
Chemical Compound Library, Contract Service (Drug Discovery Center)
- 共用研究機器(医・生命/蛍光生体イメージング室)  
Research Instruments(Live Imaging Center)
- 受託解析(医・生命/蛍光生体イメージング室)  
Contract Service (Live Imaging Center)
- NGS・バイオフォーマティクス受託解析(医/遺伝情報解析室)  
NGS and Bioinformatics
- DNAシーケンス(医/遺伝情報解析室)**  
DNA Sequencing Analysis
- 依頼一覧  
Request List

**新規依頼申請 / Registration**

依頼年月日 / Date \* 2021-04-02

泳動サンプル数 \* 10 本 \* サンプル数が多い場合には要相談  
Number of Samples \*  
Please contact MRSC in advance if you have many samples.

委託内容 / Operation

\*I. II. IIIを選択してください。  
「III. 泳動のみ」の場合はIII a, III bもそれぞれ選択してください。

I.シーケンス反応と泳動 / I.Sequencing Reaction and Electrophoresis  
 II.シーケンス反応と泳動 (COSMID, BAC) / II.Sequencing Reaction and Electrophoresis(COSMID, BAC)  
 III.泳動のみ / III.Electrophoresis Only

III a.反応試薬 / Reagent      III b.サンプルの状態 / Sample Preparation

BigDye v3.1 / BigDye v3.1       乾燥 / Dried up  
 BigDye v1.1 / BigDye v1.1       HiDi Formamide 15ulに溶解 / Resuspended in 15ul of HiDi Formamide  
 XTerminator上清 100μl以上 / Supernatant of XTerminator treated solution (100ul or more)

通常条件 / Normal       カスタム / Custom

96 °C 30 s  
↓  
96 °C 10 s  
50 °C 5 s  
60 °C 4 min 25 cycles  
↓  
4 °C and hold

シーケンス反応条件 \*  
Cycle Sequencing Program  
\*泳動のみの方は記入の必要はありません。  
\*カスタム希望の方は必ず事前にスタッフにご連絡下さい。

適用年度 2021年度

新規登録申請  
Request Registration

依頼申請日      プロジェクト番号  
Project Number      Project Number

2021/03/25      000000000000

# DNAシーケンス受託解析：依頼方法

依頼書（PDFファイル）が自動で作成されるので、印刷してサンプルと共にご提出ください。

受付番号	M-21040306
<b>京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター</b> <b>DNAシーケンス受託 解析依頼書 (PCR Products, Plasmid用)</b> <b>DNA Sequencing Service Application Form (for PCR Products and Plasmids)</b>	
1 依頼年月日 / Date	2021年04月02日
2 依頼者 / Registrant	【氏名 Name】DDC管理用 【E-mail】info@support-center.med.kyoto-u.ac.jp 【研究室 Laboratory Name】医学・生命科学研究所支援機構
3 泳動サンプル数 Number of Samples	10本 *サンプル数が多い場合には要相談 Please contact MRSC in advance if you have many samples.
4 委託内容 / Operation 「I, II, IIIを選択してください。 「III. 泳動のみ」の場合はIIIa, IIIb もそれぞれ選択してください。」	<input checked="" type="radio"/> I. シーケンス反応と泳動 (Sequencing Reaction and Electrophoresis) <input type="radio"/> II. シーケンス反応と泳動 (COSMID, BAC) (II. Sequencing Reaction and Electrophoresis (COSMID, BAC)) <input type="radio"/> III. 泳動のみ (III. Electrophoresis Only) III a. 反応試薬 Reagent <input type="radio"/> BigDye v3.1 <input type="radio"/> BigDye v3.1 <input type="radio"/> BigDye v1.1 <input type="radio"/> BigDye v1.1 III b. サンプルの状態 Sample Preparation <input type="radio"/> 乾燥 Dried up <input type="radio"/> HiDi Formamide 15ulに溶解 Resuspended in 15ul of HiDi Formamide <input type="radio"/> XTerminator 上清 100 μl以上 Supernatant of XTerminator treated solution (100ul or more)
5 シーケンス反応条件 Cycle Sequencing Program *泳動のみの方は記入の必要はありません。 *カスタム希望の方は必ず事前にスタッフにご連絡下さい。	<input checked="" type="radio"/> 通常条件 96 °C 30 s ↓ 96 °C 10 s 50 °C 5 s 60 °C 4 min 25 cycles ↓ 4 °C and hold <input type="radio"/> カスタム Custom [ ] °C [ ] s ↓ [ ] °C [ ] s [ ] °C [ ] s [ ] °C [ ] min [ ] cycles ↓ 4 °C and hold
6 Templateの種類 Template Type (Plasmid)	<input checked="" type="checkbox"/> PCR product [ 300 ] bp <input type="checkbox"/> Plasmid [ ] bp <input type="checkbox"/> Cosmid <input type="checkbox"/> BAC
7 Template精製方法 Template Purification Procedure	<input checked="" type="radio"/> スピニングカラム精製 Spin Column <input type="radio"/> Phenol処理後エタノール沈殿 Phenol Extraction and Ethanol Precipitation <input type="radio"/> その他 Other ( [ ] )
8 泳動条件 Electrophoresis Mode	<input checked="" type="radio"/> Fast (Fast) <input type="radio"/> Standard (Standard) <input type="radio"/> どっちでも (Either)

\*日本語(または英語)で太枠の中を記入してください。Please fill the boxed areas with bold lines in English (OR in Japanese).

詳細は「DNAシーケンス受託解析利用の手引き」をご覧ください。  
Please read "Instruction for DNA Sequencing Service in MRSC".

医学研究支援センター 遺伝情報解析室  
DNA Sequencing Facility, Medical Research Support Center  
E-mail: infoseq@support-center.med.kyoto-u.ac.jp

# DNAシーケンス受託解析：サンプル調整

詳細は「[DNAシーケンス受託解析利用の手引き](#)」をご確認ください。

▶ 機器利用FAQs

遺伝情報解析室

質量分析室

蛍光生体イメージング室

マウス行動解析室

小動物MRI室

合成展開支援室

サンディエゴ研究施設

先端バイオメディシン室

リンク



## 利用方法

利用される方は、予め[KUMaCoのページ](#)からiSAL利用登録を行ってください。登録は毎年度必要です。

利用登録がお済みの方は、KUMaCoマイポータルから依頼してください。依頼書を印刷し、調製したサンプルとともに下記までお持ちください。解析後のデータは利用登録したメールに送付いたします。

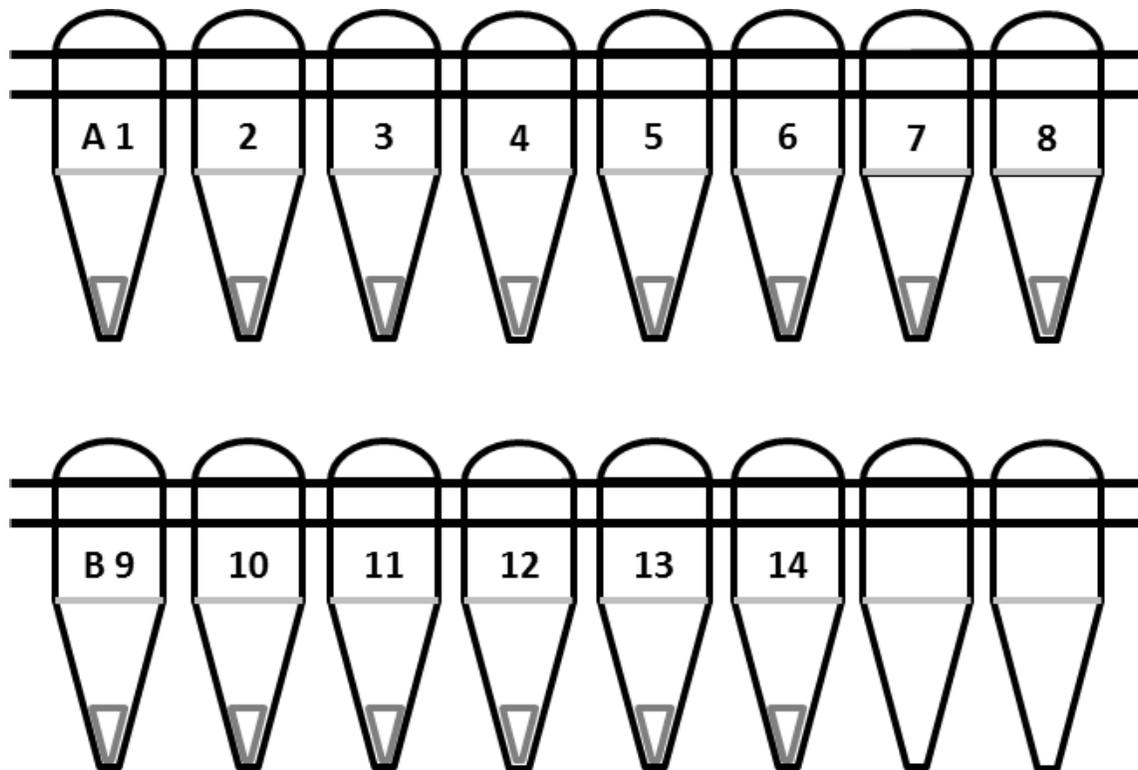
- ▶ サンプル提出場所：医学部構内 総合解剖センター棟東館4階402
- ▶ 受付時間：平日 9:30～17:00

## ダウンロード

- ▶ [内規・利用負担金価格](#)（価格は受託解析内規別表をご覧ください）
- ▶ [依頼方法（KUMaCoマニュアル「6.DNAシーケンス受託解析」）](#)  
（iSAL HPに掲載しているものと同じものです）
- ▶ [DNAシーケンス受託解析利用の手引き\(2022年5月版、PDF\)](#)
- ▶ [KUMaCo依頼用サンプルネームシート（1～48サンプル用、EXCEL）](#)
- ▶ [KUMaCo依頼用サンプルネームシート（49～96サンプル用、EXCEL）](#)
- ▶ [DNAシーケンス受託解析を効率よく利用して頂くために\(2019年4月版、PDF\)](#)

## DNAシーケンス受託解析：サンプル調整

サンプルはTemplate + Primer + H<sub>2</sub>O = 12  $\mu$ l となるよう  
TubeまたはPlateに各自調整してください。



# DNAシーケンス受託解析：サンプル調整

TemplateやPrimer量の目安なども「[DNAシーケンス受託解析利用の手引き](#)」に掲載しています。

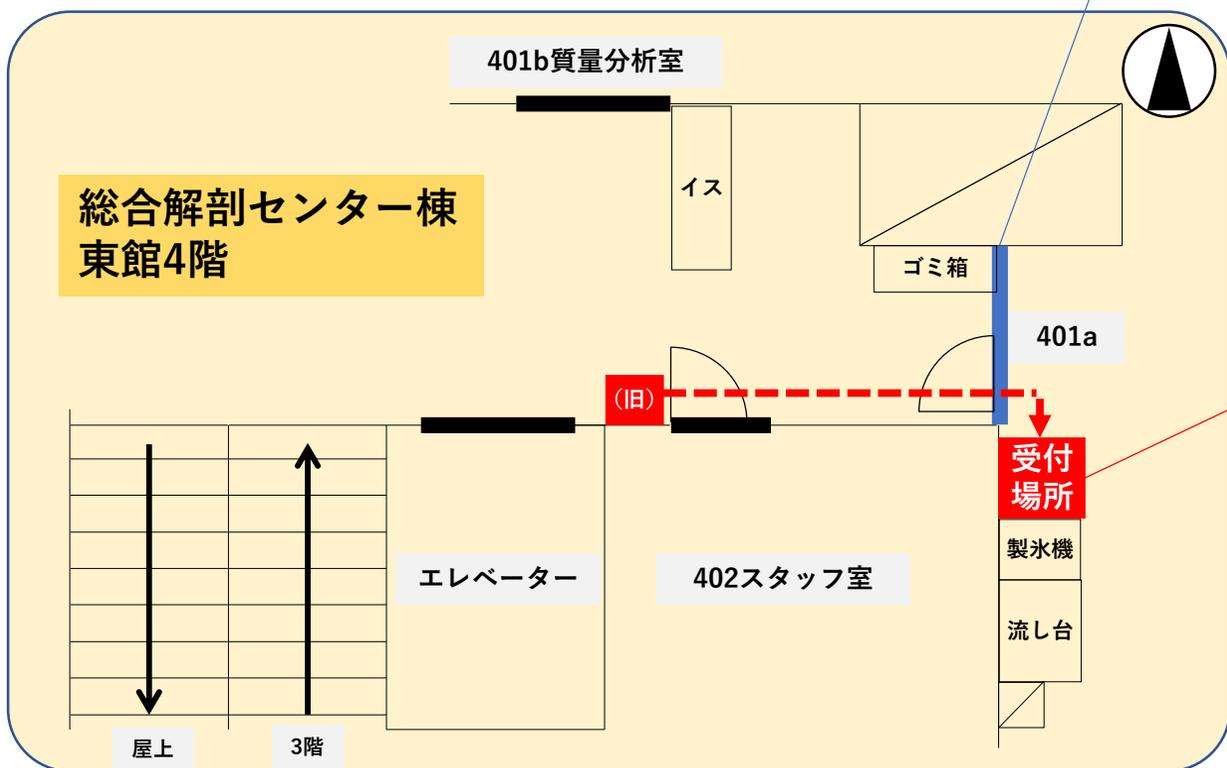
◇ Template 及び Primer 量の目安（ABI プロトコルより転載）

Template	Quantity
PCR product	
100-200 bp	1-3 ng
200-500 bp	3-10 ng
500-1000 bp	5-20 ng
1000-2000 bp	10-40 ng
>2000 bp	20-50 ng
Single-stranded	25-50 ng
Double-stranded	150-300 ng
Cosmid, BAC	0.5-1.0 $\mu$ g
Bacterial genomic DNA	2-3 $\mu$ g
Primer	3.2 pmol

# DNAシーケンス受託解析：受付場所

受付場所：医学部構内総合解剖センター棟401a

401a扉については次頁参照



# DNAシーケンス受託解析：受付時間

受付時間：平日 8:00~20:00（土・日・祝・大学休業日は除く）

（!! 注意 !!）総合解剖センター棟玄関は8:00-20:00の間は開いています、**401a扉は9:30-17:00の間しか開いていません。**401a開室時間外にサンプルを提出する方は、401a扉を認証ICカード（職員証・学生証・施設利用証）で開錠してください。（カードの開錠登録は毎週月曜に行っています）



総合解剖センター棟および401a扉の開錠時間（平日）

時間	401a共用解析室	総合解剖センター棟玄関
00:00-08:00	× 施錠	× 施錠（入館不可）
<b>08:00-09:30</b>	<b>○ 施錠（カード開錠可）</b>	◎ 開錠
09:30-17:00	◎ 開錠	◎ 開錠
<b>17:00-20:00</b>	<b>○ 施錠（カード開錠可）</b>	◎ 開錠
20:00-00:00	× 施錠	× 施錠（入館不可）

# DNAシーケンス受託解析：手引書

「[DNAシーケンス受託解析を効率よく利用して頂くために](#)」  
も公開しています。ご一読ください。

▶ 機器利用FAQs

遺伝情報解析室

質量分析室

蛍光生体イメージング室

マウス行動解析室

小動物MRI室

合成展開支援室

サンディエゴ研究施設

先端バイオメディシン室

リンク

## 利用方法

利用される方は、予め[KUMaCoのページ](#)からiSAL利用登録を行ってください。登録は毎年度必要です。

利用登録がお済みの方は、KUMaCoマイポータルから依頼してください。依頼書を印刷し、調製したサンプルとともに下記までお持ちください。

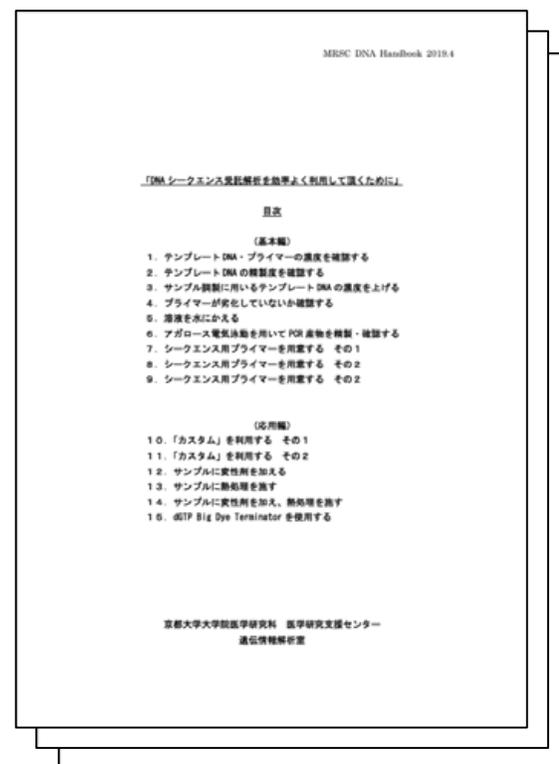
解析後のデータは利用登録したメールに送付いたします。

- サンプル提出場所：医学部構内 総合解剖センター棟東館4階402
- 受付時間：平日 9:30~17:00

---

## ダウンロード

- [内規・利用負担金価格](#)（価格は受託解析内規別表をご覧ください）
- [依頼方法](#)（KUMaCoマニュアル「6.DNAシーケンス受託解析」）  
（iSAL HPに掲載しているものと同じものです）
- [DNAシーケンス受託解析利用の手引き](#)（2022年5月版、PDF）
- [KUMaCo依頼用サンプルネームシート](#)（1~48サンプル用、EXCEL）
- [KUMaCo依頼用サンプルネームシート](#)（49~96サンプル用、EXCEL）
- [DNAシーケンス受託解析を効率よく利用して頂くために](#)（2019年4月版、PDF）



# 目次

1. 概要
2. DNAシーケンス受託解析
3. フラグメント解析
4. 遺伝情報解析室セミナー
5. その他

## フラグメント解析：概要



3500xL Genetic Analyzer  
(ThermoFisherScientific)

- キャピラリーシーケンサー3500xLを用いて、フラグメント解析用サンプルの泳動も受け付けています。
- 学内限定サービスです。
- 使用可能な蛍光色素は以下の通りです。  
6-FAM,VIC,NED,PET,LIZ(Dye Set G5)
- 返却時期については、サンプル数や提出タイミングによるので、依頼前にメールでご連絡ください。（最大2週間）
- その他利用希望者は必ず事前にご相談ください。

# 目次

1. 概要
2. DNAシーケンス受託解析
3. フラグメント解析
4. 遺伝情報解析室セミナー
5. その他



# 遺伝情報解析室セミナー

## キャピラリーシーケンサー関連の基礎的なもの、

京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター 遺伝情報解析室  
第11回 遺伝情報解析室セミナー



### キャピラリーシーケンサセミナー (DNAシーケンス解析の基礎)

キャピラリー電気泳動を用いたDNAシーケンス解析は分子生物学の基本的な技術ですが、詳細な原理や手順、データの見方を学ぶテキストは存外見つけにくいものです。また学内外で受託解析サービスも充実しており、原理を知らずともデータが取得できます。しかし原理の理解を欠いたままでは、いざデータの解釈をする際やトラブルに直面した際に立ち止まってしまうこともあります。

本説明会ではサーモフィッシュャーサイエンティフィック社から講師をお迎えし、DNAシーケンスの基礎(原理)からトラブルシューティングを含む実験のポイントまで解説して頂きます。皆様のお申込をお待ちしております。

日時：2024年5月27日(月) 15:30-17:00

開催形態：オンライン(Zoom)

講師：草野順子様  
(サーモフィッシュャーサイエンティフィック社)

申込方法：以下のURLからお申込みください。  
<https://forms.gle/hv3GlatBvb2QVqlEA>

締切：2024年5月24日(金) 13:00

\*締め切り後、申込者全員にZoom接続情報等をメールでお知らせします。

\*遺伝情報解析室が提供するDNAシーケンス受託解析は京都大学内限定サービスですが、本セミナーは学外の方も参加可能です。



申込

===== セミナーに関する連絡先 =====  
京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター  
遺伝情報解析室(担当:出陣)  
メール：infoseq@support-center.med.kyoto-u.ac.jp  
URL：http://support-center.med.kyoto-u.ac.jp/SupportCenter/dna

京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター 遺伝情報解析室  
第12回 遺伝情報解析室セミナー



### フラグメント解析セミナー

キャピラリーシーケンサーはサンガー法によるDNAシーケンス解析だけでなく、フラグメント解析にも使用されています。一口にフラグメント解析といってもそのアプリケーションはマイクロサテライト解析、キメリズム解析、コピー数解析(MLPA法)、メチル化解析、SNP解析など多岐に渡り、近年その有用性が再注目されています。

本説明会ではサーモフィッシュャーサイエンティフィック社から講師をお迎えし、フラグメント解析の様々なアプリケーションについて解説して頂きます。皆様のお申込をお待ちしております。

日時：2024年5月28日(火) 15:30-16:45

開催形態：オンライン(Zoom)

講師：草野順子様  
(サーモフィッシュャーサイエンティフィック社)

申込方法：以下のURLからお申込みください。  
<https://forms.gle/trd3yucEm4Q5hUrn1IA>

締切：2024年5月27日(月) 17:00

\*締め切り後、申込者全員にZoom接続情報等をメールでお知らせします。

\*遺伝情報解析室が提供するDNAシーケンス受託解析は京都大学内限定サービスですが、本セミナーは学外の方も参加可能です。



申込

===== セミナーに関する連絡先 =====  
京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター  
遺伝情報解析室(担当:出陣)  
メール：infoseq@support-center.med.kyoto-u.ac.jp  
URL：http://support-center.med.kyoto-u.ac.jp/SupportCenter/dna

**\* 8/1 学内限定録画再放送します**

# 遺伝情報解析室セミナー

## イルミナNGSに関連するもの、



京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター 遺伝情報解析室  
第9回 遺伝情報解析室セミナー



### NGS初心者向け：イルミナシーケンスとは

次世代シーケンサーはライフサイエンス分野では欠かせないツールとなっています。新しい機器やアプリケーションは次々に開発され、日々大量の情報が飛び交っていますが、それらを活用するためにも、まずは基礎的な知識を身に着けることが肝要です。本セミナーではイルミナ株式会社から講師の方をお招きし、イルミナシーケンスの原理や代表的なアプリケーションなど基本的なことを解説いただきます。

日時：2024年2月20日(火) 16:00-18:00

開催形態：オンライン(Zoom)

申込方法：以下のURLからお申込みください。  
<https://forms.gle/5Ay92v4dUGj1WHp9>

締切：2024年2月19日(月) 13:00

締め切り後、申込者全員にZoom接続情報等をメールでお知らせします。



申込URL

— 本説明会に関する連絡・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 遺伝情報解析室  
メール：infoseq@support-center.med.kyoto-u.ac.jp  
URL：http://support-center.med.kyoto-u.ac.jp/SupportCenter/dna



京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター 遺伝情報解析室  
第10回 遺伝情報解析室セミナー



### NextSeq 1000/2000とMiSeqの紹介と 実施可能なアプリケーションの紹介

遺伝情報解析室ではがん免疫総合研究センターと連携し、新たに設置した次世代シーケンサーMiSeqおよびNextSeq2000の共同利用の整備をすすめております。共同利用開始に先立って、イルミナ株式会社から講師の方をお招きし、両機器の特徴や実施可能なアプリケーションなどをご紹介いただきます。

日時：2024年2月21日(水) 16:00-18:00

開催形態：オンライン(Zoom)

申込方法：以下のURLからお申込みください。  
<https://forms.gle/d25jnetelcdDhGf6x9>

締切：2024年2月20日(火) 13:00

締め切り後、申込者全員にZoom接続情報等をメールでお知らせします。



申込URL



— 本説明会に関する連絡・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 遺伝情報解析室  
メール：infoseq@support-center.med.kyoto-u.ac.jp  
URL：http://support-center.med.kyoto-u.ac.jp/SupportCenter/dna

# 遺伝情報解析室セミナー

## バイオインフォマティクスの入門的なもの、



京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター 遺伝情報解析室

第13回 遺伝情報解析室セミナー



### バイオインフォマティクスを活用したRNA-seq/シングルセルRNA-seq解析入門

多くの研究で次世代シーケンサが利用されており、さまざまな解析ソフトウェアが公開されていますが、「論文のmethodsを参考にバイオインフォマティクス環境を整備するハードルは高いのが現状です。」

本セミナーでは、RNA-seqおよびシングルセルRNA-seqにおいて、次世代シーケンサから出力される転写産物の発現量の定量や品質管理、群間比較の統計的な解析など、バイオインフォマティクスの手順についてご説明します。また、データ解析結果の解釈や、生物学的な解釈の進め方について解説します。

バイオインフォマティクスでどのようなデータ解析が行われているかわからず不安な方、データ解析結果の読み方や意味を理解したい方のお悩みを解消するソリューションをご紹介します。

日時： 2024年6月12日(水) 16:00-17:00

開催形態： オンライン(Zoom)

講師： アメリエフ株式会社 代表取締役CEO 山口昌雄様

申込方法： 以下のURLからお申込みください。  
[https://amelieff.jp/240612\\_kyoto/](https://amelieff.jp/240612_kyoto/)

締切： 2024年6月11日(火) 13:00

- \* 締め切り後、申込者全員にZoom接続情報等をメールでお知らせします。
- \* 本セミナーは学内の方、および2024年度iSAL利用登録者のみ参加可能です。
- \* 本セミナーはアメリエフ社様のご厚意により、セミナー終了後1か月間、申込者限定でアーカイブ配信されます。

上記日時に参加できない方もお申込みいただければ後日視聴可能です。



申込

=== 説明会の内容に関する問い合わせ先 ===

アメリエフ株式会社  
E-mail: [publicity@amelieff.jp](mailto:publicity@amelieff.jp)  
URL: <https://amelieff.jp/enquiry/>

=== 説明会の申し込みに関する問い合わせ先 ===

京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター  
遺伝情報解析室 (担当: 出嶋)  
E-mail: [info@support-center.med.kyoto-u.ac.jp](mailto:info@support-center.med.kyoto-u.ac.jp)  
URL: <http://support-center.med.kyoto-u.ac.jp/SupportCenter>

**\* 学内者および利用登録者限定にも関わらず、  
事前申込者200名以上!!!**

# 遺伝情報解析室セミナー

最先端機器の紹介なども行っています。

京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター 遺伝情報解析室  
第8回 遺伝情報解析室セミナー

**【最先端機器紹介】空間発現解析プラットフォームVisium CytoAssistと  
ハイプレックスin situプラットフォームXenium Analyzer**

発現解析情報に位置情報を組み合わせた空間オミクス解析技術は近年目覚ましい発展を遂げています。この技術に関する知見を深めるため、10x Genomics社から講師をお迎えし、同社からリリースされているVisium CytoAssistとXenium Analyzerをご紹介します。皆様のお申込をお待ちしております。  
\*今回のセミナーでご紹介いただく機器は医学研究支援センターで設置・共用は行っておりません。またデモ機の設置もありません。

日時：2024年1月11日(木) 17:00-18:00  
開催形態: オンライン(Zoom)  
申込方法: 以下のURLからお申込みください。  
<https://forms.gle/DeqX9iahtkzbl9Bm9>  
締切: 2024年1月10日(水) 13:00  
締め切り後、申込者全員にZoom接続情報等をメールでお知らせします。

申込

この説明会は「令和5年度  
医学研究技術実証  
受講期間にカウントされます  
受講時間: 2時間

連絡先  
を  
お  
し  
ら  
せ  
ま  
す

— 本説明会に関する連絡・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 遺伝情報解析室  
メール: [info@support-center.med.kyoto-u.ac.jp](mailto:info@support-center.med.kyoto-u.ac.jp)  
URL: <http://support-center.med.kyoto-u.ac.jp/SupportCenter/dna>

# 目次

1. 概要
2. DNAシーケンス受託解析
3. フラグメント解析
4. 遺伝情報解析室セミナー
5. その他

# TBA

がん免疫総合研究センター（CCII）が導入したNGS2台を総合解剖センター棟401aに設置しています。現在はCCIIの方のみ利用されていますが、今後遺伝情報解析室管理の共用研究機器として公開する予定です。

共用開始時に改めてHP等で周知いたします。



NextSeq2000 (Illumina)



MiSeq (Illumina)