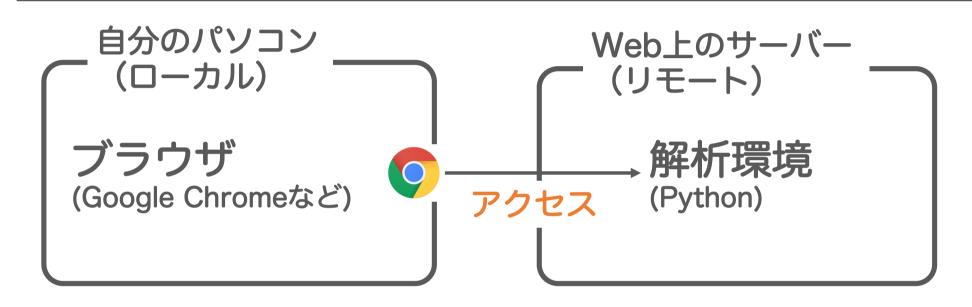
ゲノム情報解析入門

解析環境の構築とその使い方

実習で使う解析環境



利点: ブラウザのみインストールすれば良い

欠点: 編集データが保存されない

インターネット接続が不可欠

確認

- ロ インターネットに接続されている
- ロ ブラウザがインストールされている

利用可能なブラウザ

- Google Chrome
- Firefox
- Safari (Macのみ)

今回は利用不可

- Internet Explorer
- Microsoft Edge

□ Googleアカウントを持っている

その他の準備

Windowsパソコンのみ

ファイル拡張子が表示されるように設定変更

[Windows 10 / 8.1 /8]

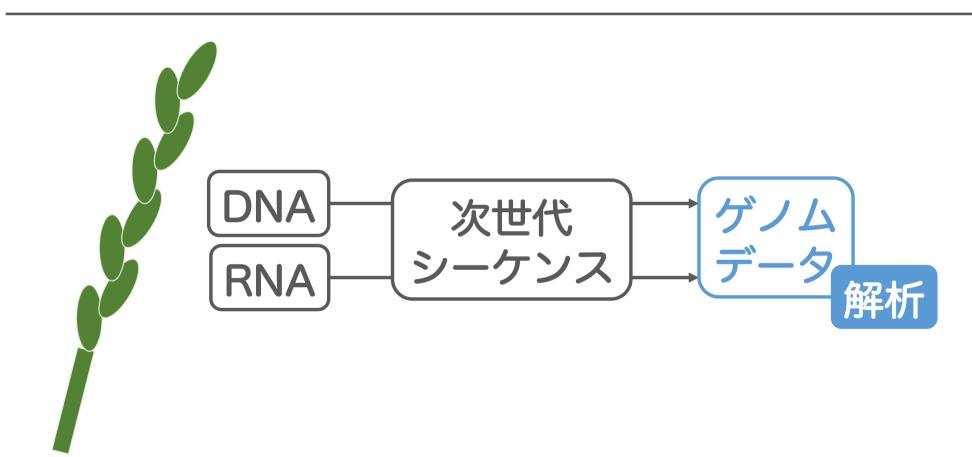
- ①何かフォルダを開く
- ② 上部にある「表示」 > 「ファイル名拡張子」にチェック

[Windows 7]

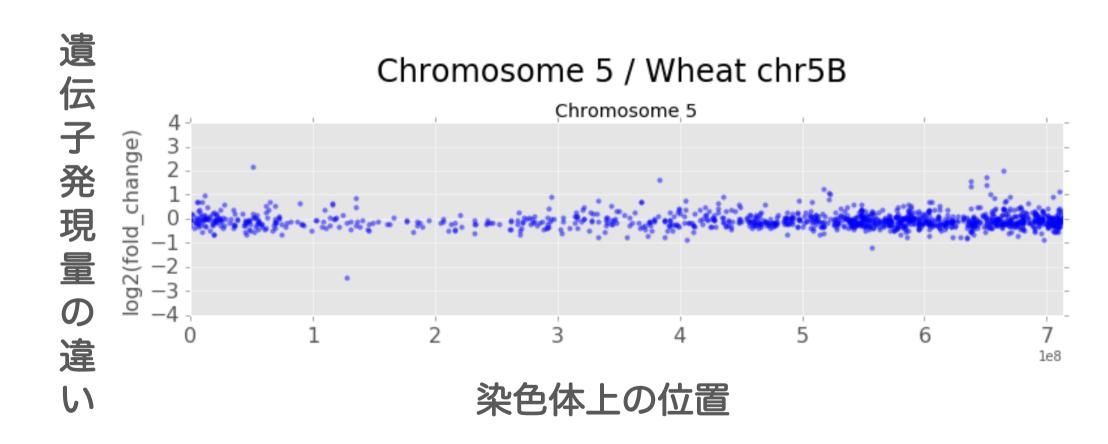
- ①何かフォルダを開く
- ② 左上付近にある「整理」 > 「フォルダと検索のオプション」 > 「表示」>「登録されている拡張子は表示しない」にチェック

解析環境にアクセスする前に、、、

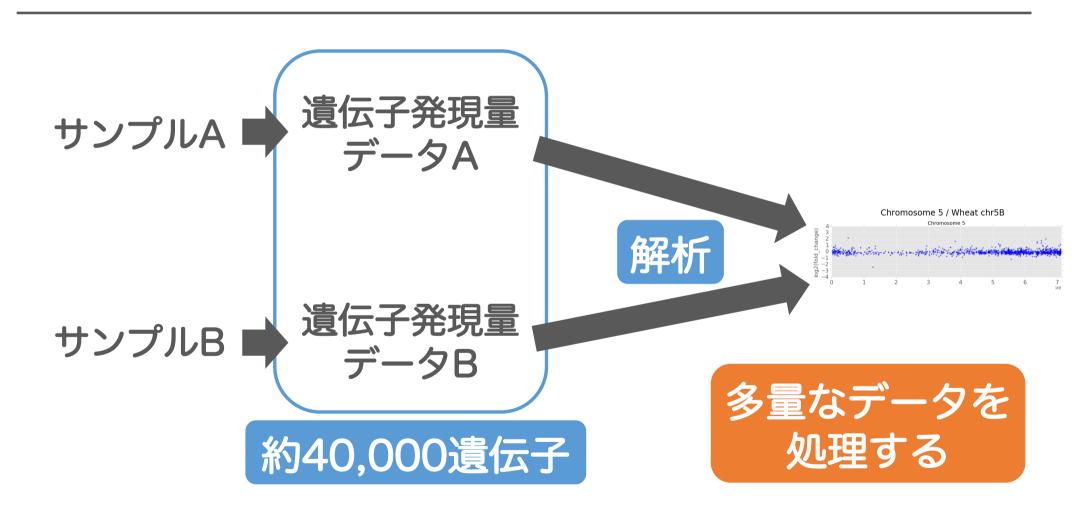
ゲノム解析とは



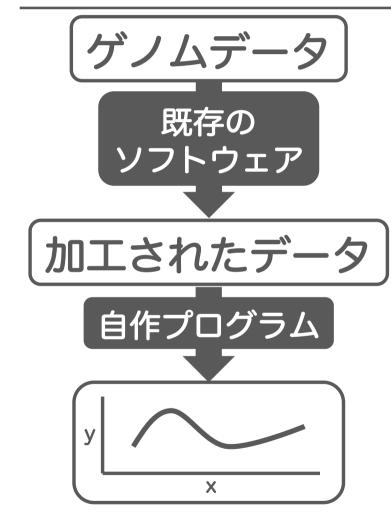
ゲノム解析の実例



ゲノム解析の実例



ゲノム解析の一般的な流れ



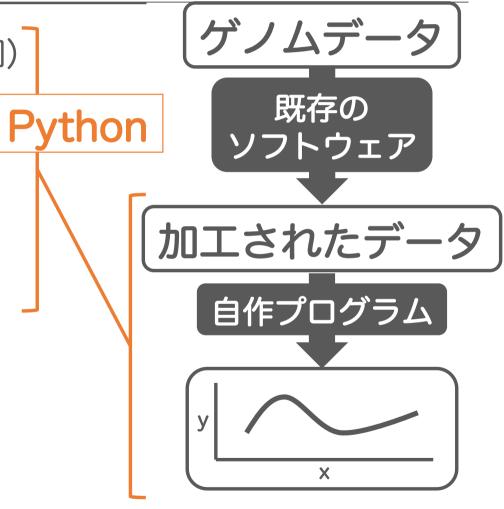
このような解析が当たり前の時代

実習の流れ - 講義全体をとおして -

- 1. 解析環境の構築とその使い方(1回)
- 2. Pythonプログラミング(約3回)
- 3. 大規模データ処理(約3回)
- 4. 大規模データ解析(約3回)
- 5. Unixの仕組みや操作
- 6. ゲノム解析

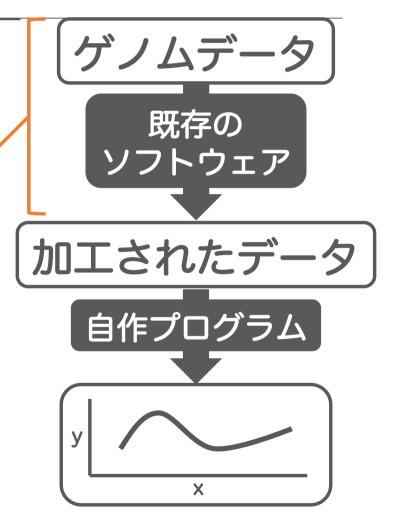
実習の流れと位置づけ

- 1. 解析環境の構築とその使い方(1回)
- 2. Pythonプログラミング(約3回)
- 3. 大規模データ処理(約3回)
- 4. 大規模データ解析(約3回)
- 5. Unixの仕組みや操作
- 6. ゲノム解析



実習の流れと位置づけ

- 1. 解析環境の構築とその使い方(1回)
- 2. Pythonプログラミング(約3回)
- 3. 大規模データ処理(約3回)
- 4. 大規模データ解析(約3回)
- 5. Unixの仕組みや操作
- 6. ゲノム解析



実習で伝えたいこと

実習では、実際に<u>プログラムを書いたり、実行したり</u>します (プログラミング)





解析環境にアクセスしましょう

① ブラウザを開き、次のワードを検索する



約 4,480,000 件 (0.42 秒)

京都大学 農学研究科 栽培植物起源学研究室

www.crop-evolution.kais.kyoto-u.ac.jp/?lang=ja ▼

京都大学 農学研究科 栽培植物起源学研究室では、栽培植物の栽培化過程や進化の背景を分子遺伝学的側面からあきらかにするため、交配, 分離集団育成、形質観察、次世代シークエンス解析などの手法をもちいて研究をおこなっています。コムギ属、ソバ ...

② 「栽培植物起源学研究室」のトップページにある「ゲノム情報解析入門」をクリックする



③「解析環境」のボタンをクリックする

解析環境No.	リンク
0	launch binder
1	launch binder
2	launch binder
3	launch binder
4	launch binder
sub	launch binder

どの解析環境を使えば良いか?

- 1) 学籍番号の下1桁を5で割る
- 2) その余りの番号のリンク

例) 学籍番号が1234-45-5678の場合、

8 ÷ 5 => 余り3 => 解析環境3

④ しばらく待ち、このような画面になればOK

