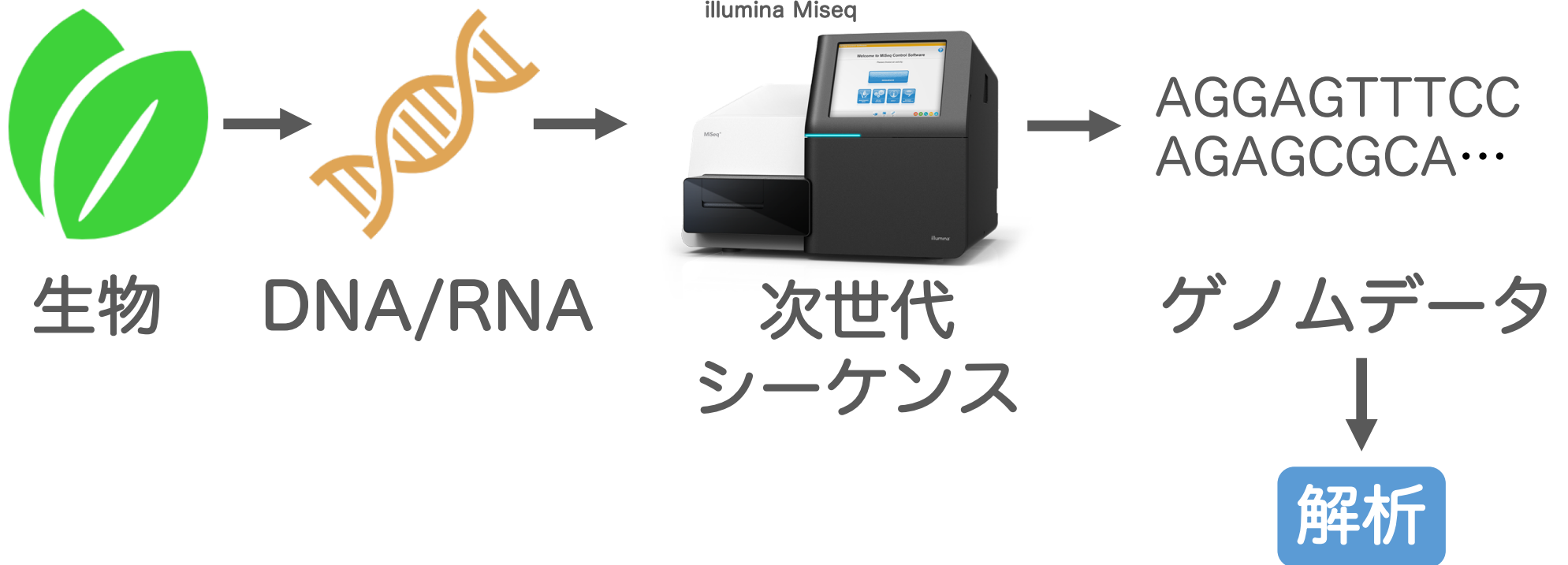


ゲノム情報解析入門

解析環境セットアップ・使い方

2019年10月8日（火）

ゲノム解析とは



ゲノムデータは巨大なデータ

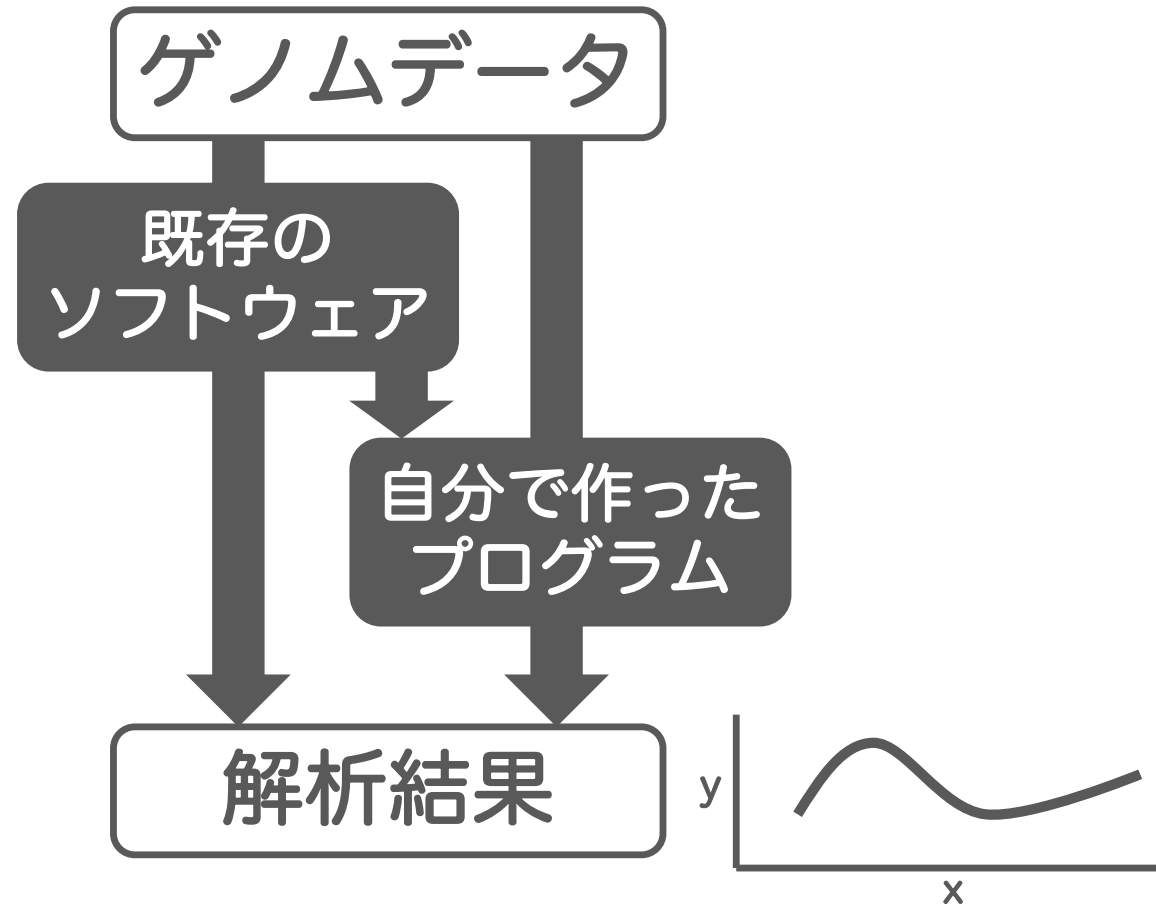
- ゲノム配列

ヒト	3 Gb (3億塩基対)
シロイヌナズナ	130 Mb (1300万塩基対)
イネ	390 Mb (3900万塩基対)
コムギ	17 Gb (17億塩基対)

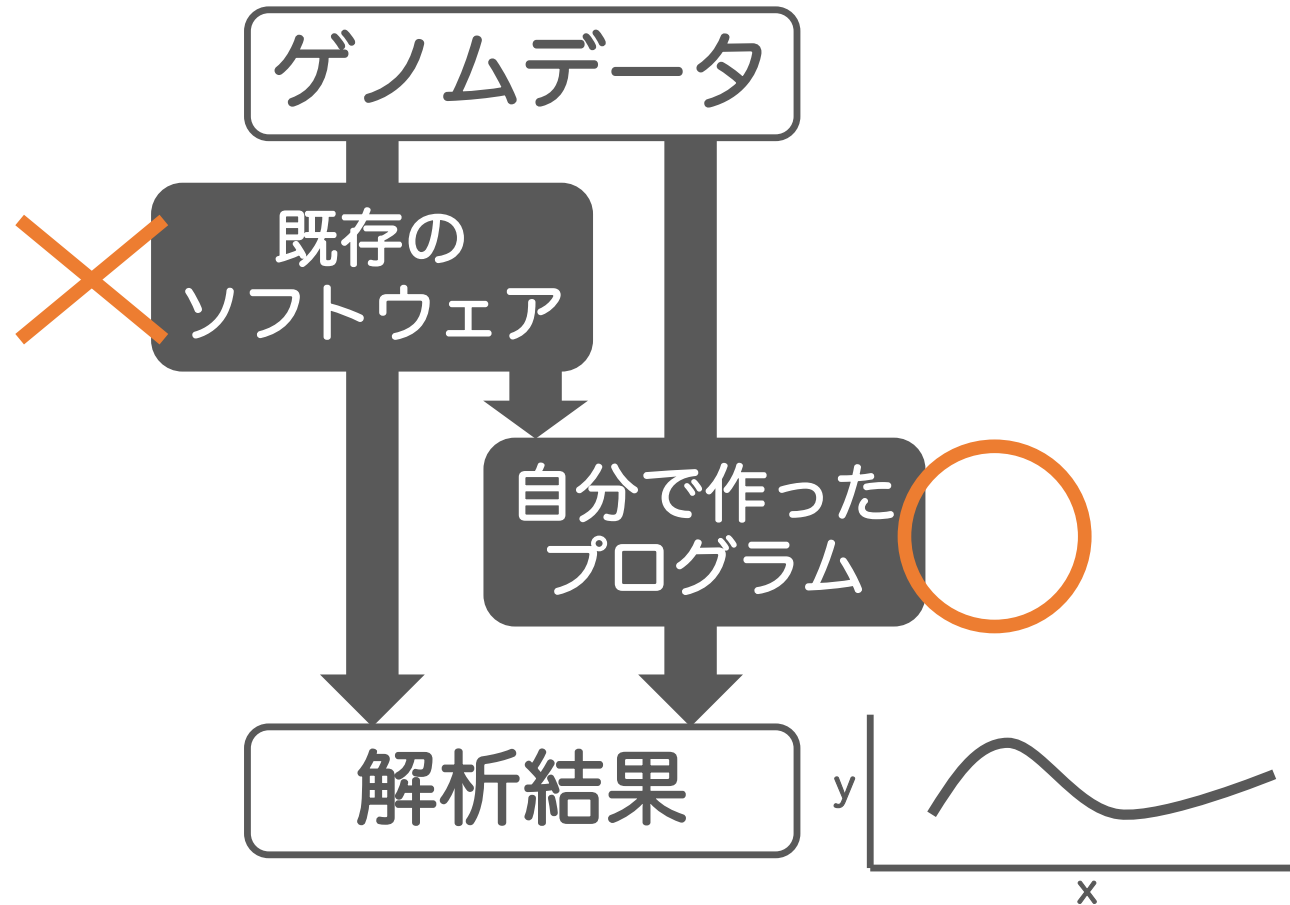
- 遺伝子発現量

ヒト	26,000 遺伝子
シロイヌナズナ	27,000 遺伝子
イネ	37,000 遺伝子
コムギ	120,000 遺伝子

ゲノム解析のアプローチ

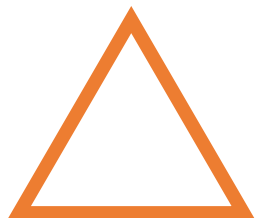


「ゲノム情報解析入門」で勉強するゲノム解析

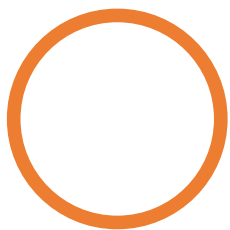


実習で伝えたいこと

実習では、プログラムを書いたり、実行したりします
(プログラミング)



プログラミングをマスターする



プログラミングができれば
何ができるのかを知る

確認

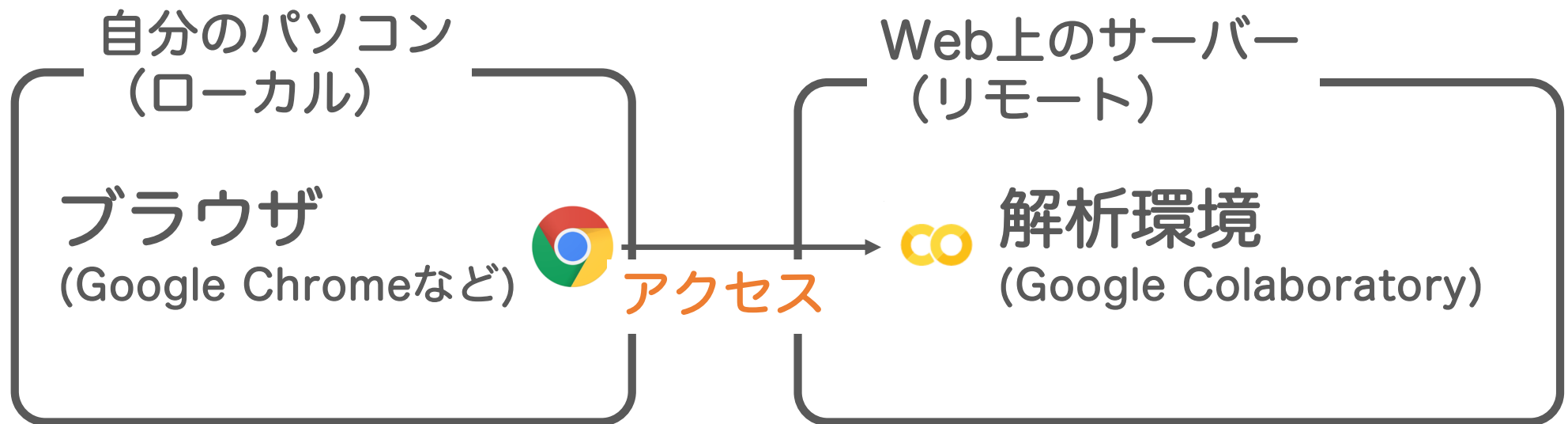
- インターネットに接続されている
- ブラウザがインストールされている

利用可能なブラウザ

- Google Chrome
- Firefox
- Safari (Mac)

- Googleアカウントを持っている

実習で使う解析環境



解析環境にアクセスする

① ブラウザを開き、次のワードを検索する



click➡ 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、次世代シーケ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 栽培植物起原学研究室ホームページにある
「ゲノム情報解析入門」をクリック



解析環境にアクセスする

③ ゲノム解析入門の講義テキストをクリック

講義・実習表

No.	講義・実習内容	日付	資料	その他
01	ガイダンス	10月1日	シラバス	
02	解析環境セットアップ・使い方	10月8日	テキスト / 課題	
03	Pythonをはじめる - 基礎 -	10月15日	テキスト / 課題	
04	Pythonをはじめる - 実践 -	10月29日	テキスト / 課題	
05	Pythonライブラリを使う - 基礎 -	11月5日	テキスト / 課題	
06	Pythonライブラリを使う - 実践 -	11月12日	テキスト / 課題	

← click