

文部科学省科学研究費 新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」/東京大学大学院農学生命科学研究科アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム「基盤バイオインフォマティクス・フォーラム」共催

「次世代シーケンサーデータ解析講習会 および情報交換会」

日時：2011年12月21日（水） 13:30-18:00

場所：東京大学農学部2号館2階第一講義室（化1）

概要：

（次世代シーケンサー由来）塩基配列データを自在に解析するためのハンズオンセミナーを行います。

1. DDBJ DRA への配列データ登録のためのセミナー（DDBJ 児玉悠一 先生）

本領域で得られる配列情報の登録を各班の研究代表者（または情報解析担当者）が責任をもって行えるように一通りの手順を学びます。

2. BLAST reciprocal best hit の抽出（金沢大学 西山智明）

3. R を用いた各種データ解析（東京大学 門田幸二）

multi-fasta 形式ファイルからの情報抽出、比較トランスクリプトームの際のデータの正規化、MA-plot の描画などを行います。また、発現変動遺伝子検出の際に普段利用している R パッケージ中に記述がある「モデルや分布（ポアソン分布や負の二項分布）」周辺や、何倍発現が変化したかといった倍率変化で検出を行う場合との違いについても解説します。

その他：

実習に必要なノートパソコン（Windows）は基本的にアグリバイオインフォマティクス教育研究プログラムの備品を用いますが、あらかじめ <http://www.iu.a.u-tokyo.ac.jp/~kadota/r.html#install> を参考にし必要なソフトウェア R やパッケージをインストール済みの無線 LAN 接続可能なパソコンであれば使用を認めます。門田は Macintosh パソコンに対する対応はできませんので予めご承知おきください。

問合せ先：

東京大学大学院農学生命科学研究科アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラム

「基盤バイオインフォマティクス・フォーラム」世話人

門田幸二（かどた こうじ）

E-mail : kadota@iu.a.u-tokyo.ac.jp