

第4回次世代シーケンサーを用いた新しいゲノム医学シンポジウム
*The Fourth Kyoto Course and Symposium on Bioinformatics for Next Generation Sequencing
with Applications in Human Genetics*

内外より一流の講師を迎え、次世代シーケンス解析のトレーニングコースとシンポジウムを開催します。3日間に亘るトレーニングコースでは、世界有数の研究機関で豊富に蓄積された解析データを用い、有用なバイオインフォマティクスの最新技術を若い研究者が集中的に学べる機会を提供します。続く2日間は、ゲノム医学の最先端を紹介する公開シンポジウムを行います。

トレーニングコース

会期：2016年3月29日（火）～ 31日（木）

会場：京都大学医学部 基礎医学記念講堂（医学部構内）

概要：

1日目：人類遺伝学の基礎、Linuxの基礎（実習）、次世代シーケンサーデータの取扱い（品質管理）と解析ワークフローの理解（講義）、全ゲノム・エクソームシーケンスデータ解析とゲノム変異の探索（実習）

2日目：次世代シーケンサー技術と応用、RNAシーケンス・エピゲノムデータ解析（講義）、ゲノム変異のアノテーションと疾患関連変異探索（講義）、関連解析と統計遺伝学的解析手法（講義）、ジェノタイプ推定法（講義）、人類遺伝学的解析（講義・実習）

3日目：病因遺伝子マッピング法（講義・実習）、疫学解析とメンデルアンランダムマイゼーション（講義・実習） エピゲノムデータを用いた量的形質解析（講義・実習）

受講費：

Academic：30,000円・Non-academic：60,000円

トレーニングコース受講には一定の予備知識と経験が必要ですので、受講希望者には、Motivation letterをご提出いただき、選考を行います。Motivation letter提出は会議ウェブサイトから行って下さい。選考の結果は、締切後2週間程度でお知らせします。

受講申込締切（Motivation letter提出締切）：2016年2月19日（金）

シンポジウム

会期：2016年4月1日（金）～ 2日（土）

会場：京都大学 国際科学イノベーション棟5階 シンポジウムホール（吉田構内）

トピック：

多因子疾患の遺伝学的ゲノム解析、エピジェノミクス、構造解析とケモインフォマティクス、ジェノタイプ推定、大規模全ゲノム解析、人類遺伝学的解析、計算ゲノミクス、バイオバンク、疫学研究、感染症研究

参加申込：

シンポジウムはどなたでも無料でご参加いただけますが、事前登録をお願いします。詳細については会議ウェブサイトをご参照下さい。

会議詳細・トレーニングコース受講申込・シンポジウム参加申込

<http://www.genome.med.kyoto-u.ac.jp/NgsCourse/>

事務局（お問合せ）

京都大学医学研究科ゲノム医学センター

Tel: 075-751-4157 E-mail: ngs_course@genome.med.kyoto-u.ac.jp

The 4th Kyoto Course and Symposium on Bioinformatics for Next Generation Sequencing with Applications in Human Genetics

March 29 – April 2, 2016 Kyoto University

TRAINING COURSE



The 3-day course will provide a practical introduction to analysis of next generation sequencing data from handling of raw data to applications in study of human disease. As example of analysis techniques, methods to examine whole-genome, exomic, and epigenomic sequence data will be covered in depth. We will illustrate the use of sequence data in combination with methods for mapping disease genes in

genetic studies. The course provides attendees with a unique opportunity to interact closely with the world-leading researchers who serve as instructors.

Dates: Tuesday, March 29 - Thursday, March 31, 2016

Venue: Memorial Auditorium, Kyoto University Graduate School of Medicine, Yoshida Konoe-cho, Sakyo-ku, Kyoto 606-8501, Japan (Faculty of Medicine Campus)

Topics: Introduction to human genetics, Data manipulation and variant calling (SNV, CNV), Variant annotation and disease gene annotation, Population genetics, Methods for complex analysis, Epigenomics analysis, Imputation, Mendelian randomization

Course organisers and instructors: Guillaume Bourque (McGill U.), Koichiro Higasa (Kyoto U.), Mark Lathrop (McGill U.), Fumihiko Matsuda (Kyoto U.), Jurg Ott (Chinese Academy of Sciences & Rockefeller U.), Daniel E. Weeks (U. Pittsburgh), Ryo Yamada (Kyoto U.), plus leading researchers in computational genomics and genetics from around the world.

Attendees: The course is aimed principally at advanced doctoral students or post-doctoral researchers who need to apply next-generation sequencing in medical studies. Applicants will be selected based on description of their background and future research projects to be submitted when applying the course. The number of attendees will be limited to a maximum of 30. Those who intend to participate in the training course, please apply first using the application form on our website.

Course fees: Academic: 30,000 yen; Non-academic: 60,000 yen.

Application deadline: February 19 (Fri.), 2016

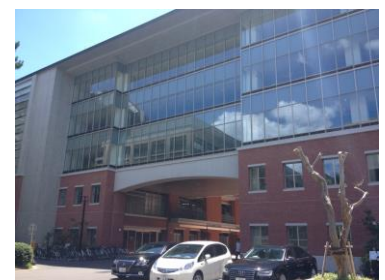
SYMPOSIUM

The course will be followed by 2-day symposium with invited international speakers to provide perspectives on recent advances in medical genomics. The symposium will be open to the course attendees and others from the scientific community. There are no fees for the symposium but advance registration is recommended.

Dates: Friday, April 1 - Saturday, April 2, 2016

Venue: Symposium Hall, Kyoto University International Science Innovation Building, Yoshida Honmachi, Sakyo-ku, Kyoto 606-8501, Japan (Yoshida Main Campus)

Topics: Genetics and genomics for complex diseases, Epigenomics, Bioinformatics for structural biology, Cheminformatics, BioBank, Epidemiology, Imputation, Large-scale whole genome sequencing analysis, Population genetics, Computational genomics, Infectious diseases



APPLICATION DETAILS

<http://www.genome.med.kyoto-u.ac.jp/NgsCourse/>

SECRETARIAT

Center for Genomic Medicine, Kyoto University Graduate School of Medicine

E-mail: ngs_course@genome.med.kyoto-u.ac.jp