

分析機器部門講習会シリーズ

バイオインフォマティクスを活用した
シングルセル RNA-seq/空間的遺伝子発現解析入門

多くの研究で次世代シーケンサ等が利用されており、膨大なデータを分析する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 をベースにバイオインフォマティクス解析を実施する」ハードルは高いのが現状です。

本セミナーでは、シングルセル RNA-seq および空間的遺伝子発現解析において、公開されている論文のデータをもとに、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、データ解析結果の評価や、生物学的な解釈の進め方について解説します。

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解き方や意味を理解したい方、バイオインフォマティクス環境を整備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。

*本講習会では、分析機器部門に未導入の機器・技術について紹介します。

【日 時】 2026年6月10日(水) 16:00-17:00

【対 象】 ・バイオインフォマティクス解析の内容を知りたい方
・データ解析結果の読み解き方や意味を知りたい方
・ご自分でバイオインフォマティクス解析を行いたい方

【演 者】 アメリエフ株式会社 代表取締役 CEO 山口昌雄

【講習方法】 オンライン

【定 員】 300名

【申込期間】 2026年6月10日(水) 正午まで

【申込方法】 下記記載の URL からお申し込みください。

https://amelieff.jp/260610_nagoya/



お問合せ先

医学教育研究支援センター分析機器部門

担当：丸井

内線：2403 / 5779

Email：marui.moeko.c3@f.mail.nagoya-u.ac.jp

(送信の際は[at]を@に変えてください)

申込時にいただいた個人情報は、「東海国立大学機構個人情報保護規程」に基づき適切に管理いたします。詳しくは、ホームページをご参照ください。<https://www.nagoya-u.ac.jp/about-nu/objectives/protection/index.html>