

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
RNA-seq/シングルセル RNA-seq 解析入門

多くの研究で次世代シーケンサが利用されており、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 を参考にバイオインフォマティクス環境」を整備するハードルは高いのが現状です。

本セミナーでは、RNA-seq およびシングルセル RNA-seq において、次世代シーケンサから出力される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、データ解析結果の解釈や、生物学的な解釈の進め方について解説します。

バイオインフォマティクスで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方や意味を理解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】 2024 年 6 月 20 日 (木) 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

【講習内容】 RNA-seq およびシングルセル RNA-seq における、次世代シーケンサから出力される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、環境構築から最初に取り組むことについてご紹介します。また、データ解析結果の解釈や、生物学的な解釈の進め方について解説いたします。

【演 者】 アメリエフ株式会社 代表取締役 CEO 山口昌雄

【開催方法】 オンライン

【定 員】 300 名

【申込期限】 2024 年 6 月 19 日 (水) 12:00 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/240620_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： 伊藤 / 丸井

内線： 2403 / 5779

Email：yitoh[at]med.nagoya-u.ac.jp / mmarui199469[at]med.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>