

2024 年 11 月 26 日
26th, Nov, 2024

大学院学生各位
To All Graduate Students

2024 年度 基盤医学特論 開講通知 Information on Special Lecture Tokuron & Tokupro AY2023

特徴あるプログラム CIBoG/AI-MAILs オミクス解析学 プログラム CIBoG/AI-MAILs Omics Analysis

題目：1 細胞・空間トランスクリプトームデータ解析

Title : Single-cell and spatial transcriptome data analysis.

講師：尾 崎 遼 先生

筑波大学医学医療系生命科学域

バイオインフォマティクス分野 准教授



Teaching Staff : Dr. OZAKI Haruka
Bioinformatics Lab, Faculty of Medicine,
University of Tsukuba Associate Professor

日時：2024 年 12 月 9 日 (月) 17:00～18:30 (基礎研究棟 3 F 第 2 講義室)

Time and Date : 9th December, Mon 2024 17:00-18:30 (Lecture Room No. 2)

使用言語：日本語 Language : Japanese

概説：

近年、細胞ごとにトランスクリプトームを計測する 1 細胞トランスクリプトミクスや、RNA の空間分布を多数の RNA 種に対して同時計測する空間トランスクリプトミクスが登場した。これらから出てくるトランスクリプトームデータは、遺伝子発現量に加えて、細胞集団での不均一性や空間分布といった異なるレイヤーの情報を含んでおり、データ解析において様々な展開が考えられる。本講義では、1 細胞・空間トランスクリプトームデータ解析について概観するとともに、データ解析の有用性や将来性について議論する。

In recent years, single-cell transcriptomics, which measures the transcriptome at the level of individual cells, and spatial transcriptomics, which simultaneously measures the spatial distribution of numerous RNA species, have emerged. Transcriptome data generated from these methods not only provide information on gene expression levels but also include additional layers of information, such as heterogeneity within cell populations and spatial distribution. These features open up various possibilities for data analysis. This lecture provides an overview of single-cell and spatial transcriptome data analysis and discusses the utility and future prospects of these approaches.

関係講座：分子腫瘍学・鈴木洋，データ駆動生物学・本田 直樹
部門等の連絡担当者：データ駆動生物学 西尾（内線 1980）
Contact : Laboratory of Data-Driven Biology Nishio (ext.1980)

※事前のお申し込みは不要です。
No Registration required.

※講義中の録画・録音は禁止します。
Recording this lecture is not allowed.