

「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」

日時：2024年**9月26日**（木）16:00～17:00

会場：オンライン（Zoomウェビナー）

参加費：無料

ご参加には事前登録が必要です。（登録締切：2024年9月25日正午）
ご登録は下記のURLまたは右記Rコードよりお願いいたします。

https://amelieff.jp/240926_tmd/



お申し込みはこちら

講演内容

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。

こんな方におすすめ

- ・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

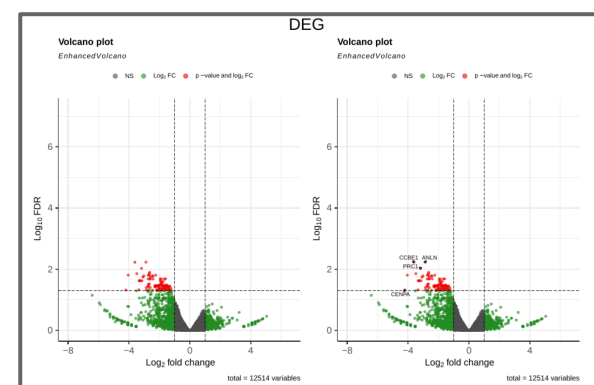
講師紹介

山口 昌雄

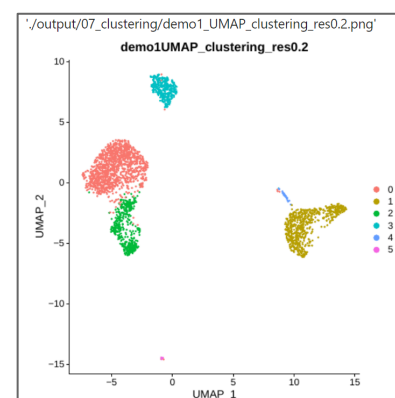
アメリエフ株式会社 代表取締役社長

略歴

2000 理化学研究所 遺伝子多型研究センター
2004 京都大学 博士後期課程入学
2004-6 パリ第6大学 留学
2007 京都大学 博士後期課程修了
2009 アメリエフ株式会社設立
東京医科歯科大学 客員教授



▲二群間比較解析（Volcano plot）



▲クラスタリング

無料相談会

セミナー終了後には、実際にお客様の人材育成をサポートしている担当者との無料相談会を実施いたします。無料相談のご要望が多いため、初めてご相談される方のみの、完全予約制とさせていただきます。お申込みの際にご希望をご記入ください。

※ 本セミナーへの参加申込フォームでご登録いただいた個人情報は個人情報保護法に基づき本イベント運営の目的のみに使用され、該当情報が東京医科歯科大学 リサーチコアセンターと、アメリエフ株式会社とその販売代理店である株式会社バイオテックラボで共有されることを予めご了承ください。

- 大学お問い合わせ先
RCC管理運営部門 田中ゆきえ
omics.rcc@tmd.ac.jp
- メーカーお問い合わせ先
担当：乙川 sales@amelieff.jp

主催：アメリエフ株式会社