

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、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。

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。

日時： 2025年12月10日(水) 16:30-17:30

開催形態： オンライン(Zoom)

講師： 山口 昌雄 (アメリエフ株式会社 代表取締役CEO)

言語： 日本語

対象者： 学内者はどなたでも可
学外者は2025年度iSAL利用登録者のみ

申込方法： 以下のURLからお申込みください。

https://amelieff.jp/251210_kyoto/

締切： 2025年12月9日(火) 12:00

* 締め切り後、申込者全員にZoom接続情報等をメールでお知らせします。

* 本セミナーはアメリエフ社様のご厚意により、セミナー終了後1カ月間、申込者限定でアーカイブ配信されます。上記日時に参加できない方も、お申込みいただければ後日視聴可能です。



申込

=== 説明会の内容に関する問い合わせ先 ===

アメリエフ株式会社

E-mail: publicity@amelieff.jp

URL: <https://amelieff.jp/enquiry/>