

第104回 バイオインフォマティクス勉強会

「Jupyterで始めるRNA-seq解析の自動化」

日時：2026年2月5日（木）16:00～16:30

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：2026年2月5日正午）

ご登録は下記のURLまたは右記QRコードよりお願ひいたします。

https://amelieff.jp/news/260205_bisg104/



お申し込みはこちら

講演内容

次世代シーケンサを用いたRNA解析が多くの研究で行われており、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を参考に研究をすすめるための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、まず、次世代シーケンサから出力される転写産物の発現量の解析プロトコルについて、品質管理や正規化、群間比較の統計的な解析についてご紹介します。また、主成分分析による層別化解析を行い、特定のクラスターにおける群間解析を実施することで、サブグループ毎の遺伝子発現プロファイルを見る手順について解説します。

次に、データ解析をするための、解析環境構築について、PC選定やソフトウェアのインストール、プロトコルの記録と自動化まで、ご説明いたします。

一般的なRNA-seq解析のプロトコルの確認と、データ解析環境の構築に困っている方のお悩みを解消します。

こんな方におすすめ

- ・オープンソースを用いたデータ解析を行いたい方
- ・公開データを使って遺伝子発現データ解析を始めたい方
- ・発現解析の基本を復習したい方
- ・データ解析環境構築で困っている方

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	アメリカ株式会社設立
		東京医科歯科大学 客員教授



無料相談会

勉強会終了後には、実際にお客様の解析環境構築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いております。お申込みの際にご希望をご記入ください。