

「Jupyterで始めるシングルセルRNA-seq解析環境構築」

日時：2026年**2月12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12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/news/260212_bisg105/



お申し込みはこちら

講演内容

近年、シングルセルRNA解析は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、シングルセルRNAデータ解析の手法や解析プロトコルを紹介し、公開データとSeuratを用いた基本的なデータ解析について、クラスタリングや細胞種の同定を中心に解説します。

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、Jupyterで作成したノートブック上での実行から、プロトコルの記録まで、ご説明いたします。

シングルセルRNA-seqの公開データで試したい、データ解析環境の構築に不安があるといった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シングルセルRNA解析を始めたい方
- ・シングルセルRNAのデータ解析環境構築で困っている方
- ・シングルセルRNAでどのような解析結果が得られるのか知りたい方

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



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きます。お申込みの際にご希望をご記入ください。