

環境構築で挫折しない！ブラウザで解析するRNA-seq入門

日時：2026年**7月23日**（木）17:00～17:30

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7月23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/260723_bisg113/



お申し込みはこちら

講演内容

バイオインフォマティクスにおいて、ゼロからデータ解析環境を整備するハードルは非常に高いのが現状です。慣れないLinuxでのツール操作や複雑な依存関係の解決に時間を取られ、解析のスタートラインに立つ前に挫折してしまうケースも少なくありません。

本セミナーでは、この大きな障壁である「データ解析環境の構築」のお悩みを解消するアプローチとして、大きく以下の3点をご紹介します。

- 複雑な依存関係に悩まされないスマートな環境構築方法
- Jupyter Notebookを活用したブラウザでの直感的な解析
- RNA-seqを例とした基本的なデータ解析の流れ

まず、環境構築のトラブルを防ぐための強力な仕組みであるDockerやcondaの具体的な活用方法をご紹介します。

さらに、使い慣れたWebブラウザでプログラムを実行し、解析結果の図表やグラフをリアルタイムに確認できるJupyter Notebookについてご紹介します。

最後に、構築した環境を活用する実践編として、RNA-seqの基本的な解析を実行します。クオリティコントロールからマッピング、発現定量にいたる基本プロトコルをご紹介しますとともに、グループ間の違いを比較する発現変動遺伝子解析の手順について解説します。

こんな方におすすめ

- 解析環境の構築（インストールやエラー対処）で困ったご経験のある方
- コマンド操作やITスキルに自信がないがデータ解析を始めたい方
- RNA-seq解析の基本を学びたい方

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
		東京科学大学 客員教授

