

共用機器のさらなる活用を目的とした技術セミナーの他に、学内需要の把握等を目的とした未導入の機器の紹介セミナーも実施していきます。 Mail: kasumikiki@ml.hiroshima-u.ac.jp

RNA-seq データ解釈によるバイオマーカー探索体験会 『オミックスデータ解釈ツール (IPA) を用いた 実験的検証可能な仮説構築』

以下のような問題を抱えている方、是非、ご参加をご検討ください

- mRNA の発現変動は、タンパク質の活性とは大きな相関がなく RNA-seq データ解釈に意味を見出せない
- mRNA の発現変動から、バイオマーカー候補となる重要因子を予測出来るとは思えない
- 構築仮説に自信がなく、何らかのヒントが欲しい

日時：令和8年3月6日（金）13:30-16:30

会場：霞総合研究棟701号室

申込：<https://forms.office.com/r/zf0ihQcS1c>

申込締め切り：令和8年3月2日(月)

内容 約3時間（関連製品のご紹介も）

1. オミックスデータ解釈ツール (IPA) のスライドによるご使用イメージのご説明（30分程度）
 - 1-1. 実験的検証可能な仮説構築とは？
 - 1-2. 過去の膨大な他研究者のオミックスデータの活用法とは？
2. ブレイク、QIAGEN製品ご紹介（20分程度）
 - 2-1. 休憩・ディスカッション等情報交換
 - 2-2. 新製品とトピックスのご紹介
3. IPA を用いた仮説構築体験会（ハンズオンセミナー：1時間半程度）
 - 3-1. 遺伝子発現プロファイルからの IPA 解釈の実施
 - 3-2. 遺伝子発現プロファイルに至る上流制御因子の確認方法
 - 3-3. 自身の解釈に他研究者のオミックスデータを活用する方法

*ハンズオンセミナーにご参加の場合、以下のものが必要になります。

- 1: 大学のメールが確認可能なインターネットに接続された PC
- 2: PC へのソフトのインストール権限
- 3: マウス、PC 電源など

※実際の時間配分などが異なることもございます。

※トライアルライセンスは、セミナー後10日間残ったチケットをご自身のデータでご使用いただけます。



【共催】

株式会社キアゲン

奥本 暢

E-mail: Itaru.okumoto@qiagen.com

【問合せ先】

自然科学研究支援開発センター機器共用・分析部（霞）

E-mail: kasumikiki@ml.hiroshima-u.ac.jp

tel: 082-257-1510 （内線6170/6870）

※本セミナーの申込フォームでご登録いただいた個人情報は個人情報法に基づき本セミナーの目的以外では使用いたしません。

※取得した個人情報は本セミナーの共催企業とその販売代理店とで共有されることを予めご了承ください。