

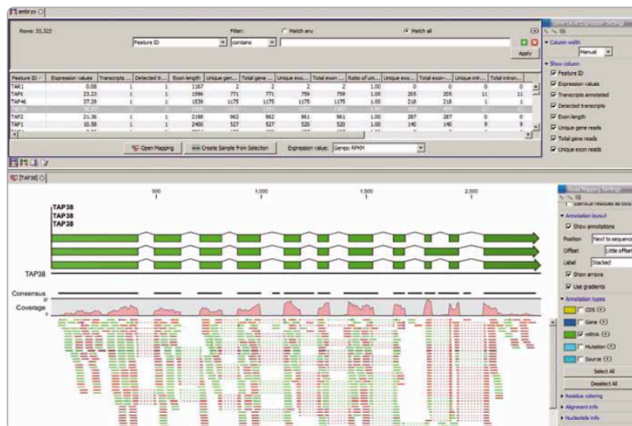
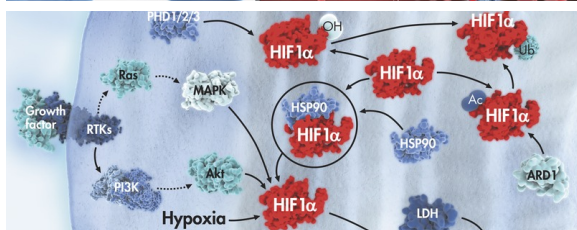
TATGTGATTGCGTGACTGCTGAGGTCGTAAGTACTAGCTCGTAGCATAGATGACCTAGTCCGT

# 次世代シーケンス セミナー

～核酸精製からデータ解析まで～

## 第三回 発現解析 (mRNA, miRNA解析)

TATGTGATTGCGTGACTGCTGAGGTCGTAAGTACTAGCTCGTAGCATAGATGACCTAGTCCGTAGT



今年1月より、全三回のシリーズを予定して開催してきた次世代シーケンス (NGS) 解析のセミナーも今回で最後となります。

第三回のセミナーでは、トランスクリプトーム解析やmiRNA-seq実験の全体の流れ、解析を行う上で核酸精製時に注意すること、NGSラン前に必要なプロセス、データ解析概要について実例を踏まえて説明をして頂きます。

NGSを用いたRNA発現解析は、既知の転写産物の発現定量だけではなく、新規転写産物の探索や新規スプライスジャンクション、新規SNPの探索など、マイクロアレイでは難しかった解析も可能となります。

- 日時 平成29年 4月 12日 (水) 13 : 30 ~ 15 : 00
- 内容 RNA-seq概要 (トランスクリプトーム解析, miRNA解析)
- 場所 基礎棟2階 医学部第二会議室

※申込は不要です



協力：株式会社キアゲン  
担当：東日本営業部 安積 直人

【問合せ先】

秋田大学バイオサイエンス教育・研究サポートセンター 分子医学部門

担当：幸丸・東谷 (内線 6191)

HP : <http://www.med.akita-u.ac.jp/~kiki/>

