

IGM RNA Biofunction Seminar

多重サンプルRNA-seqデータ間の相
関情報を利用した転写制御・転写後
制御のバイオインフォマティクス解析

飯田 慶 博士

京都大学大学院医学研究科
医学研究支援センター

次世代シーケンサーの普及によって、ゲノムワイドな遺伝子発現を様々な条件で解析し、比較検討することが可能になりました。それによって、転写開始・終結点や選択的スプライシングによる転写物の多様化の変動を大規模に解析することが重要な課題となっています。飯田博士はバイオインフォマティクスを駆使して、ゲノムワイドな遺伝子発現データの解析を精力的におこなっています。本セミナーでは最新の解析例をいくつかご紹介いただく予定です。

2015年7月21日 (火)
11:00~12:00

医学部中棟5F 5-1共通セミナー室

連絡先：遺伝子病制御研究所 RNA生体機能分野 廣瀬 哲郎 内線6956