

RNA-Seq 系統解析セミナー

遺伝子浸透も何のその、RNA-Seqで得られる多数の異なる遺伝子座データをもとに系統推定をする方法について、最新の解説と解析デモをおこないます。解析デモでは、共用機器として公開予定の高性能サーバーを実際に使用します。

日時: 2月22日(水) 15:00-16:30 (定員10名程度)

場所: 亜熱帯島嶼科学拠点研究棟2階セミナー室

講師: 橋口康之 博士 (大阪医科大学 生物学教室・講師)



サーバー概要: Supermicro, 2 Intel Xeon CPUs (2.60-3.60 GHz, 2 CPUs 合計56スレッド 同時実行), 主記憶容量 256GB, ストレージ 4TB.

セミナー内容:

- 研究事例紹介: RNA-Seqデータを活用した、*Tanakia* 属タナゴ類の種間交雑と地域間の系統分岐関係の解析。
- 解析の概要解説: RNA-Seqデータから系統解析に有用な情報を抽出。
- 解析デモ: *Nomorhamphus* 属サヨリ類を例に。

事前申し込み不要
(先着順)