



遺伝子ネットワーク/パスウェイ解析データベース

IPA (インジェニイティーパスウェイアナリシス) 主催



Digital Biology®

論文等により得られた相互作用、生物学的機能、疾病情報、薬剤情報等がデータベース化されたソフトウェアで、①ユーザーの遺伝子、タンパク、代謝産物リストを用いたネットワーク、機能解析や、②分子、相互作用等の辞書として使用可能です。

医学研究におけるバイオインフォマティクス解析において強力なツールとなるパスウェイ解析ソフトウェア「IPA」が本年度導入され、学内の利用希望者に使用が可能となります。今回は、主に基本から応用までの解析方法を中心にレクチャー形式でご紹介いたします。ご利用中の方も、利用をご検討中の方、ご興味を持っていただける方も、ふるってご参加ください。ご経験者の方も、Q&Aのお時間を設けておりますので是非ご参加ください。

日時: 2017年6月12日(月曜日)
場所: 御茶ノ水センタービル 第2会議室
時間: 18:00~19:30
演者: トミーデジタルバイオロジー
アプリケーションスペシャリスト **田中英夫氏**

IPA 論文での引用実績数



18:00~ 第一部:IPAの概要

IPAの成り立ちや、導入・設定方法、基本的な機能をご紹介します。

18:10~ 第二部:遺伝子名や、疾患名等のキーワード検索とその応用

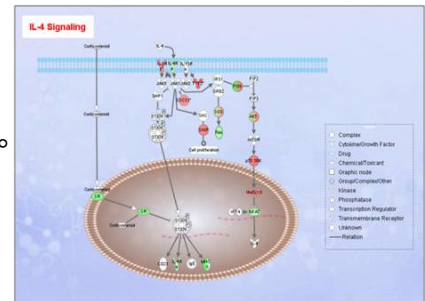
実際にIPAを使って、どのような解析が出来るのかデモをご覧ください。

18:25~ マイクロアレイのデータを活用した解析例とその応用

マイクロアレイのデータをお持ちの方や、今後解析をする方向けに様々な解析手法をご紹介します。

19:10~Advanced Analyticsについて

オプション機能を使った検索及び解析についてご紹介いたします。



☞上記全ての参加でなくとも、自分の興味ある部位のみの参加でも歓迎いたします。

☞6月8日開催のセミナーと同一の内容です。

生体分子研究室ホームページはこちら

<問い合わせ先>

研究基盤センター 生体分子研究室 三浦・吉川
内線: 3627, 3628, 3629
E-mail: seitai@juntendo.ac.jp

