

## Transcriptome データ解釈による仮説構築体験会

### 『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』

株式会社キアゲン Market Development 國田 竜太

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解析に意味を見出せない
- 論文の Discussion には書けるが、分子機序仮説の実験的検証が難しい
- 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7年8月4日（月）14:00～16:00

会場：1号館2階 2-3 会議室

申込：事前に trial license の発行が必要になりますので、2日前までに下記お問合せ先までご連絡ください

### 内容

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. 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)

- 2-1. 遺伝子発現プロファイルからの IPA 解釈の実施
- 2-2. 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
- 2-3. 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

<お問合せ先>

株式会社キアゲン 國田 竜太

E-mail: Ryota.Kunita@qiagen.com

