

JSHG 2025 Workshop

メディカルバイオインフォマティクス ワークショップ

Medical Bioinformatics

アドバンスド
Advanced

データ解析と解釈を自身でできるようになることを目指したアドバンスドコースです。

基本的なNGSの解析とは何かを知っている方が、更に一步、独力で前に進めるように後押しすることを目的としています。

今年は「**ノートPCでの解析環境の立ち上げ**」、「**バリアントの解釈**」、「**RNA-Seq解析**」を実施します。

日時：2025年12月20日 (土)

講師：宮 冬樹（慶應義塾大学医学部臨床遺伝学センター准教授）

場所：パシフィコ横浜 人類遺伝学会第70回大会開催地

参加者：JSHG2025参加者・参加費無料・事前申し込み
最大25名程度。応募多数の場合は抽選で参加者を決定。

- このコースはデータ解析の初級者～中級者向けです。全くunixに触れたことのない超初心者の方はもう一つのワークショップを推奨します。
- 以前のMedical Bioinformaticsワークショップに参加されたことがある方で、更にもう少し学びたい方も歓迎します。
- 別枠の教育セミナー「臨床遺伝専門医へ向けたブラッシュアップセミナー【遺伝学的情報収集とバリアントの病原性評価】」の聴講者を歓迎します。そのセミナーで話すことの一部を実践します。
- RNA-Seqデータから遺伝子発現を自身で解析してみたい方を歓迎します。

時間	タイムスケジュールと内容
10:00-12:00	ノートPCでの解析環境の立ち上げ・バリアント解釈のための解析 ご自身のノートPCを用いて解析環境を作ります。さらにNGSの解析結果の多数バリアントから病的変異を絞り込む解析を実際に行います。
13:30-15:30	RNA-Seq発現解析・クラスタリング解析・GO/パスウェイ解析 RNA-Seqの生データから解析サーバーを用いて遺伝子発現解析を行い、そこからクラスタリング解析やGO/パスウェイ解析までRNA-Seqで広く行われる解析を実際に各自のノートPC端末から実施します。

申込方法：JSHG2025大会サイトから申し込み

<https://www.congre.co.jp/jshg2025/>



- 原則として午前と午後の両方を通して参加いただきます。
- 参加時は、Wi-Fiに接続可能な自分のノートPC（Windows, Macどちらでも可）をご持参いただきます。WindowsのOSはversion 11でお願いします（10は不可）。
- ソフトウェアのインストールが可能なPCをお持ちください。