

技術紹介ウェビナー

2026年8月5日（水）  
午後3時～

# Decoding the Transcriptome : ロングリードが解き明かす 遺伝子発現の世界

## 要旨

トランスクリプトミクスは、生命システムにおける遺伝子発現やその制御機構を研究する目的で広く使われています。しかし、従来の一般的なショートリードシーケンスでは得られる情報が断片的であるため、転写産物アイソフォーム、選択的スプライシング、複雑な遺伝子構造を完全に解明することが困難でした。

一方ロングリードシーケンスは、長いRNA分子を直接解析できるのが特長です。転写産物の多様性や遺伝子発現をより包括的に理解することができるため、バルクRNA-seqとシングルセルRNA-seq解析の双方で、近年急速に注目されてきています。

本ウェビナーでは、ナノポアシーケンスを用いたトランスクリプトミクス解析ワークフローについてご紹介します。ロングリードシーケンスがどのようにフルレングス転写産物の解析を可能にし、アイソフォーム解析、選択的スプライシングの検出、さらには複雑な遺伝子発現パターンの解明に貢献し得るのかを解説します。

また、ナノポア社のデータ解析ソフトウェアであるEPI2MEや、関連ソフトウェアについても触れ、シーケンスデータから生物学的な知見を得るまでの流れをどのように実現するのかをご紹介します。

ご興味のある方はぜひご参加ください

本ウェビナーは録画します。

登録はこちらから ↓ →



株式会社  
オックスフォード・ナノポアテクノロジーズ  
テクニカルサポート

<https://nanoporetech.swoogo.com/jp/ntswebinaraug5jp/begin>