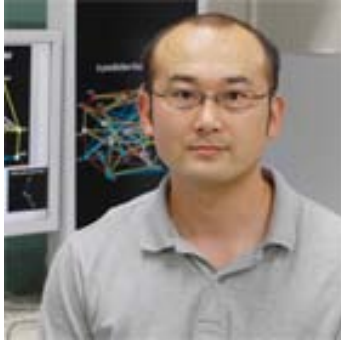


セミナーのお知らせ

「網羅的遺伝子発現解析から何が見えるか、どう扱うか？」



National Institute for Basic Biology

大学共同利用機関法人 基礎生物学研究所
自然科学研究機構

発生生物学領域 発生遺伝学研究部門

佐藤 昌直 助教

日時: 2013年12月10日(火) 15:30~
場所: 6号館4階406号室

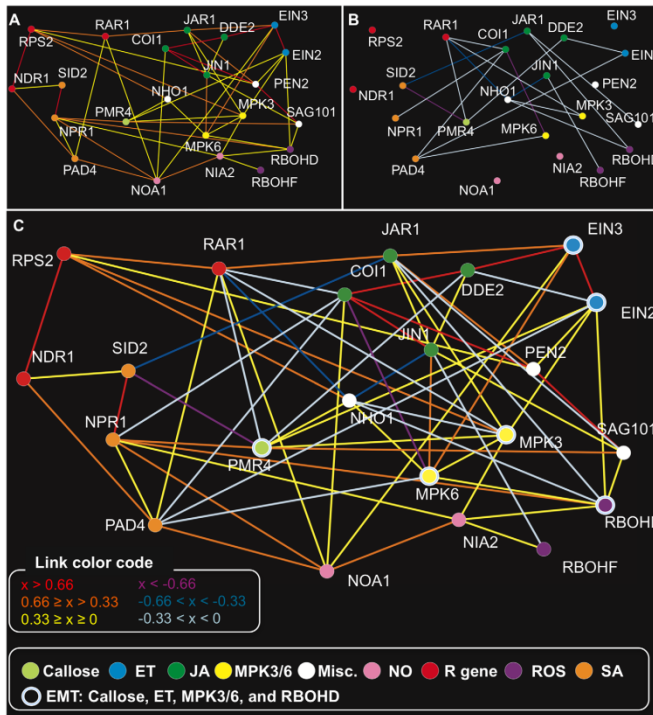


Figure. The network model for the genes corresponding to the mutations.

参考文献

- 1) Sato M, Tsuda K, Wang L, Coller J, Watanabe Y, Glazebrook J, Katagiri F. Network modeling reveals prevalent negative regulatory relationships between signaling sectors in Arabidopsis immune signaling. PLoS Pathog. 6(7):e1001011.
- 2) Sato M, Mitra RM, Coller J, Wang D, Spivey NW, Dewdney J, Denoux C, Glazebrook J, Katagiri F. A high-performance, small-scale microarray forexpression profiling of many samples in Arabidopsis-pathogen studies. Plant J. 49(3):565-77.

担当: 吉崎悟朗