

scRNA-seqや空間トランスクリプトミクスをはじめとするオミクス解析は、近年急速に発展しており、研究の幅と深さを大きく広げています。一方で、解析手法や解析環境の選択肢が多様化する中で、データ解析に加えて、結果の整理や共有、再利用までを含めた運用方法についても検討が必要となっています。

本セミナーでは、こうした動向を踏まえ、scRNA-seqや空間トランスクリプトミクスなどのオミクスデータをクラウド上でGUIウェブベースに解析・管理・共有できるソフトウェアCDIAM Multi-Omics Studioを取り上げます。メーカーより講師をお招きし、発現変動解析、パスウェイ解析、ターゲット・バイオマーカー探索、細胞間相互作用解析などの機能に加え、10,000以上の公開オミクスデータとの比較・統合といった活用例についてご紹介いただく予定です。

日時：2026年1月27日(火) 15:00-16:00

開催形態：オンライン（Zoom）

講師：越後 輝敦（トミーデジタルバイオロジー株式会社）

言語：日本語

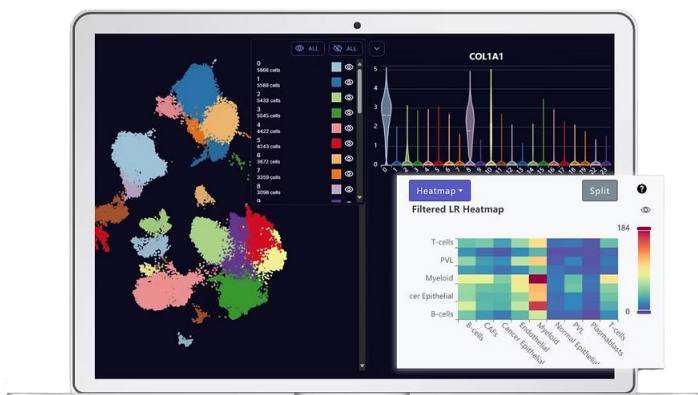
申込方法：以下のURLからお申込みください。

<https://forms.gle/1DiiD2mr3DEVkEaX8>

締切：2026年1月26日(月) 13:00

※締め切り後、Zoom開催情報及びアンケートフォームへのリンクを申込者全員にメールでお知らせします。

備考：本セミナーは情報共有を目的として実施しており、セミナーの中で紹介いただくソフトウェアは遺伝情報解析室では共用しておりません。



申込