

## Subrium-大量のマルチオミクスデータの管理・視覚化に ~遺伝子発現データと miRNA・CNV・転写因子結合・エピジェネティクスなどのデータを統合~

場所 疾患プロテオゲノム研究センター1F 交流ホール

日時 平成26年11月21日(金) 16:00~17:00

講師 株式会社 Subio 代表取締役 田部 暁郎

DNA マイクロアレイ解析、プロテオーム解析、そして最近では、次世代シーケンサによる配列解析と、分子生物学の分野での網羅的解析方法は、桁違いに多量なデータ量を低コストで産出するようになりました。これにより、網羅的な解析を行うことが大変なことではなくなり、網羅解析で得られた多くの候補を得ることができるようになりましたが、その候補をどのようにして絞り込み、機能解析の実験に進むための順位付けを行うかが最も重要となっています。

データ解析を、統計処理することと思っている方が多くいらっしゃいますが、それはほんの入り口に過ぎません。生物学的な解釈には、そこからさらにウェットな研究者を交えた検証に踏みこむことが必要です。チームで解析作業を進めるためのソフトウェア基盤 Subio Platform と Subrium をご紹介してもらいます。

