

第7回 ゲノム・オミックス連携推進セミナー

全ゲノムシーケンスによるゲノム解析の現状と今後

藤本 明洋 先生

京都大学医学研究科 創薬医学講座 特定准教授

日時：11月29日（水）16:00～17:30

場所：東北メディカル・メガバンク棟 3階 大会議室

セミナー要旨

近年、DNA塩基配列決定技術の革新的進歩により、大量の塩基配列データの取得が比較的容易になった。医学的な必要性から、集団内の遺伝的な違い（遺伝的多様性）や突然変異の研究が精力的に進められ、ヒトの疾患感受性遺伝子の同定や、がんゲノムの突然変異の理解が飛躍的に進んでいる。これらの研究では、大量計算により突然変異/多型を精度よく網羅的に検出すると共に、機能的意義を解釈し生物学的に有用な発見を導くことが重要となる。

発表者は、国際がんゲノムコンソーシアムに参加し、大量のシーケンスデータの解析を行ってきた。理研、がんセンター、東大の共同研究により、300例の肝癌の全ゲノムシーケンスを行い、点突然変異、挿入・欠失、コピー数変異、構造異常、ウイルスゲノムの挿入を検出した。その結果、多数のドライバー遺伝子候補に加えて、変異が集積している非コードRNAやプロモーターが検出された。また、構造異常の数がDNA複製タイミングと相関することを見出すとともに、構造異常が集積している遺伝子を検出した。

本講演では、発表者が行ってきたがんゲノム研究などを例として、がんゲノム解析の方法論を紹介するとともに、今後のゲノム解析の課題について発表する。

担当：田邊（東北メディカル・メガバンク機構 ゲノムプラットフォーム連携センター）

連絡先：contact@gpc.megabank.tohoku.ac.jp（芳賀）