



東北大学グローバルCOE

## 第8回

# Network Medicine特論

## 講義のお知らせ

# 長崎 正朗 博士

(東北メディカル・メガバンク機構 ゲノム解析部門・教授)

## 高性能シーケンスデータの バイオインフォマティクス解析の現状と課題

日時: 10月19日(金)17時30分

場所: 医学部5号館201号室

ゲノムデータ取得技術の進歩により全世界の研究者が一つのヒト参照ゲノムを作成した時代から十年、掌サイズのシーケンサを用い血液から簡単に大量のゲノムを読む時代、つまりゲノム超ビックデータ時代を迎える。

本講演では、次世代シーケンサデータの基礎的な一塩基多型、構造変異解析などのヒトゲノムリシーケンスバイオインフォマティクス解析の流れから、現状のリシーケンスデータの解析における課題点について概説する。また、演者の関わってきた国際共同研究である国際がんゲノムコンソーシアム(ICGC)プロジェクトで算出されているデータがどのような規模で、どのような方法を用いてスーパーコンピュータ上でデータ処理・管理を行っていたか、どのような時間スケールで解析を進められていたかについてICGCのバイオマーカー探索・開発チーム中川チームリーダーや東京大学医学部の小川誠司先生との全ゲノム解析やエクソーム解析で使われた計算リソースの経験を交えて紹介を行う [1,2,3]

1. Fujimoto A. et al., Whole-genome sequencing of liver cancers identifies etiological influences on mutation patterns and recurrent mutations in chromatin regulators. *Nat. Genetics* 2012;44:7
2. Yoshida K. et al., Frequent pathway mutations of splicing machinery in myelodysplasia. *Nature* 2011;478:7367
3. Fujimoto A. et al., Whole-genome sequencing and comprehensive variant analysis of a Japanese individual using massively parallel sequencing. *Nat. Genetics* 2010;42:11

Network Medicine特論では、最新のNetwork Medicine研究を紹介しています。最新の医学研究を理解するために必要な知識を多くの学生・教員間で共有したいと思います。

Network Medicine特論は医学履修課程の大学院講義です。受講学生は履修簿を持参し、修了後にサインを受けること。聴講は自由大歓迎です。皆さん是非ご参加ください。

拠点リーダー 岡 芳知 / 担当 中山 啓子(内線8227)