ゲノム解析技術の進歩: ロングリードとシングルセル解析

講師:鈴木 穣 教授(東京大学)

近年のヒトゲノム解析技術は進展めざましいものがあります。 本講演では、昨年上市されまたたく間に広まったロングリード解析と一細胞解析 について、東京大学・鈴木穣先生によりご経験を踏まえてご講演いただきます。 詳しくは添付の講演要旨をご参照ください。 皆様のご参加をお待ちしております。

日時:2017年11月27日(月)15:30-17:00

場所:京都大学 大学院医学研究科 A棟103・107

主催:京都大学 ワンストップ創薬拠点

参加希望の方は、氏名・所属名(研究室名等)・職名/学年を明記の上、医学研究支援センターまでメールでご連絡

ください。(〆切:2017年11月24日(金) 15:00。当日参加可能)

* 医科学修士は「平成29年度医学研究技術実習」受講時間認定希望の有無も記載してください。

問い合わせ先:京都大学大学院医学研究科 医学研究支援センター (総合解剖センター棟4階東側)

メール: info@support-center.med.kyoto-u.ac.jp

URL: http://support-center.med.kyoto-u.ac.jp/SupportCenter



この説明会は「平成29年度 医学研究技術実習」 受講時間にカウントされます

受講時間:2時間



京都大学吉田キャンパス

A棟 103 · 107

案内 HP





ゲノム解析技術の進歩:ロングリードとシングルセル解析

講師:鈴木 穣 教授(東京大学)

ヒトゲノム解析技術はその進展が著しい。本講演では、昨年上市され、またたく間に広まったロングリード解析と一細胞解析について、演者らの経験も交えて概観したい。

ロングリード解析は、ヒト遺伝性疾患関連遺伝子の探索、がんゲノム解析をはじめとするゲノム医科学用途において強力な手法である。データ産出性能が向上したとはいえ、イルミナ型シークエンサーを中核とした現在の次世代シークエンス関連技術では、ハプロタイプのフェージング、染色体転座、コピー数異常といった複雑なゲノム解析を行うことは依然として困難である。従来、PacBioシークエンサーがこの用途に集中的に用いられてきた。しかし、昨年、長鎖DNA解読技術について技術革新が相次いで報告された、10X Genomics社が上市したGemCodeでは、数十万個の油滴中に個別に封入した長鎖DNA分子を個別のオリゴでバーコーディング、イルミナシークエンサーでのシークエンス読み取り後に、バーコード配列を指標に計算機的に長鎖DNA配列を再構成する、いわゆる"synthetic long read"法を実現した。一方で、物理的に長鎖DNAを読み取る"physical long read"においても、ナノポアシークエンサーがそのシークエンス精度、シークエンス数について性能を飛躍的に向上させている。

10X Genomicsの機器は、油滴中に細胞を封入することで各細胞のトランスクリプトームを個別に解析する一細胞解析にも転用可能であった。同システムは先行するFluidigm C1システムの欠点を補うものであったが、同時に新たな課題を提示している。本講演では、我々が肺腺がん培養細胞株について行ったシングルセル解析結果の経過を例に、そのデータの特性について議論したい。

