

日時: 2013年10月30日 13:30-15:00

場所: 403(4F)

フォーカストセッション

オミックス解析における実務者意見交換会 *Working Group Meeting on Omics-based Analysis*

開催趣旨:

ゲノム・トランスクリプトーム・プロテオーム・メタボロームをはじめとするオミックス解析は、とくに今世紀に入ってから急激な発展を遂げてきた。また、近年の次世代シーケンサーの普及により、データの解析および解釈はより複雑性を増し、この分野の研究者への期待は日々高まっている。さらに、これらのオミックス技術によって得られた異なる特徴を持つデータセットの融合的な解析も、より重要性を増しつつある。このセッションではオミックス解析に精力的に携わっている研究者の忌憚のないご意見を頂戴し、問題意識の共有やブレイクスルーの可能性についてのブレインストーミングを行う場を提供したい。

モデレーター: 茂樺 薫 Kaoru Mogushi

東京医科歯科大学 難治疾患研究所 生命情報学 Department of Bioinformatics,
Medical Research Institute, Tokyo Medical and Dental University

神田 将和 Masakazu Kohda

埼玉医科大学 ゲノム医学研究センター トランスレーショナルリサーチ Division
of Translational Research, Research Center for Genomic Medicine, Saitama Medical University

トランスクリプトーム解析の現況: マイクロアレイ vs. RNA-seq

門田 幸二 Koji Kadota

東京大学 大学院農学生命科学研究科 アグリバイオインフォマティクス教育研究ユニット
Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo

マイクロアレイは、データ解析が容易であるものの、解析可能範囲が搭載転写物に限定されている。一方 RNA-seq は、原理的に全発現転写物配列を取得可能であるものの、データ解析が容易ではない。このようなステレオタイプなイメージについて、以下の現況および事実（細胞内で発現する転写物の種類は有限）を踏まえ、今後の方向性や解決すべき課題について議論したい。1) 3' 発現解析用アレイのイメージは相当古くトランスクリプトームアレイがすでに利用可能である。2) Affymetrix GeneChip 前処理で有名な RMA だが、fRMA、IRON など多くの新規手法が存在する。3) RNA-seq データをマッピングする手段は、Linux (と Macintosh) などヒトに限定されていたが、現在は Windows の R でも可能 (QuasR パッケージ)。

Gene Hunting: できること・できないこと

三嶋 博之 Hiroyuki Mishima

長崎大学 原爆後障害医療研究所 人類遺伝学

Department of Human Genetics, Atomic Bomb Disease Institute, Nagasaki University

ヒト希少遺伝疾患の原因遺伝子の探索~Gene Hunting~にとって、次世代シーケンサーは長年待望された夢の機械であり、その登場によりこれまで 100 を超える疾患原因遺伝子が発見されてきている。それでは、将来すべての遺伝病の原因が突き止められるのであろうか? そうは問屋が卸さない。今回は、Gene Hunting をめぐる夢と現実について述べたい。

異種オミックスデータの融合に基づく分子間相互作用ネットワークの予測

山西 芳裕 Yoshihiro Yamanishi

九州大学 生体防御医学研究所 生体多階層システム研究センター システムコホート学分野 Division of
System Cohort, Multi-scale Research Center for Medical Science, Medical Institute of Bioregulation, Kyushu University
九州大学 高等研究院 Institute for Advanced Study, Kyushu University

ポストゲノム研究では、様々な分子（遺伝子、タンパク質、化合物、薬物など）に関するゲノム、トランスクリプトーム、プロテオーム、メタボローム、フェノームなどの網羅的オミックスデータが得られるようになってきた。これらの様々なオミックスデータを融合し、生命システムを表す分子間相互作用ネットワーク（タンパク質間相互作用ネットワーク、代謝パスウェイ、薬物・標的タンパク質間相互作用ネットワークなど）を大規模に予測するための情報科学的手法とその応用例を紹介する。