

情報生命博士教育院

「情報生命特別講義第四」

第1回

日時：平成30年1月15日(月) 13:20～18:20

場所：緑が丘1号館 1階M113号室(遠隔配信なし)

スピーカー：黒木 陽子氏

(国立生育医療研究センター ゲノム医療研究部 成育疾患ゲノム研究室 室長)

タイトル：ゲノム解析技術の進展によるヒトゲノム配列情報の
高精度化と多様性

概要：医学、生物学の研究分野において汎用されているヒトゲノム参照配列(NCBI GRCh38/UCSC hg38)は、国際ヒトゲノム計画により構築された高精度な配列データに基づく、ヒトゲノム配列情報の国際標準である。この配列データを利用して、多くの研究成果が生まれてきた一方で、この配列データは完全なものではなく、未だ解読されていない領域や配列精度が低い領域が存在している。これらのゲノム難解読領域は、従来のゲノム解析手法では配列決定が困難であったが、近年、新たなゲノム解析手法として、一分子リアルタイムシーケンサーが実用化され、国内外において、この手法を用いた難解読領域の構造決定が進められている。

本講義では、ヒトゲノム難解読領域の構造解析の現状と、大規模なヒトゲノム研究により多様化する配列データの整備状況について、国内外での動向を概説する。

第2回

日時：平成30年1月22日(月) 13:20～18:20

場所：緑が丘6号館 1階多目的室1(遠隔配信なし)

スピーカー：野口 英樹氏

(情報・システム研究機構 データサイエンス共同利用基盤施設
ゲノムデータ解析支援センター センター長)

タイトル：NGSを用いた新規ゲノム決定およびリシーケンス

概要：NGSの発展と普及により、生物種のゲノム配列を新たに決定するde novoゲノムシーケンスや、個体間・系統間のSNV・構造多型を調べるゲノムリシーケンスが広く行われるようになってきた。本講義ではこれらの解析に用いられるバイオインフォマティクス技術について、シーケンサーごと(IlluminaおよびPacBio)の配列データの特徴と解析手順の違いも踏まえて紹介する。

《担当教員》 伊藤 武彦(生命理工学院 教授)

《問合せ先》 情報生命博士教育院 すずかけ台事務室 office@acls.titech.ac.jp