



# SAMS Information

The University of Tokushima Graduate School, Institute of Health Biosciences,  
Support Center for Advanced Medical Sciences (SAMS)

No. 59  
2011/12/26

## 第78回 HBS研究部 先端医研テクニカルセミナー

### 次世代シーケンサを活用する ターゲットキャプチャシーケンス技術の最新情報とデータ解析

総合研究支援センター 先端医療研究部門では、皆様の研究にお役に立つようなテクニカルセミナーをシリーズで開いております。

ターゲットキャプチャシーケンス技術の登場により、次世代シーケンサの応用範囲は、メンデル遺伝病から一般的疾病の原因および関連遺伝子の同定、各種モデル生物のターゲットシーケンスへと急速な広がりを見せています。本技術が最も多く利用されている『ヒト全エクソンシーケンス解析』は、特にメンデル遺伝病の原因遺伝子同定を強力にサポートしており、その論文報告数は、近年飛躍的な増加をみせております。

本セミナーでは、ターゲットキャプチャシーケンスの技術の概要と、最新の応用例や研究成果について解説をお願いしております。是非とも皆様のご参加をお願いいたします。

日時 : 平成24年1月18日(水) 15:30 ~ 17:00

場所 : 第一カンファレンス室(医学部基礎A棟1階)

講師 : 箕浦 加穂、石井 善幸

アジレント・テクノロジー(株) バイオアプリケーショングループ

### プログラム

|               |                                |           |        |
|---------------|--------------------------------|-----------|--------|
| 15:30 ~ 15:35 | はじめに                           | 先端医療研究部門長 | 佐々木 卓也 |
| 15:35 ~ 16:05 | ターゲットキャプチャシーケンス技術の概要と最新応用例のご紹介 | 箕浦 加穂     |        |
| 16:05 ~ 17:00 | 次世代シーケンサデータ解析のケーススタディ          | 石井 善幸     |        |

### 概要

次世代シーケンサの解析は、1次解析・2次解析・3次解析と、解析のプロセスが多く、また扱うデータサイズが巨大であることから、インフォマティクスが非常に重要とされています。

しかし、シーケンスデータから最終的な「生物学的な解釈」を行うためには、インフォマティクスの力だけでは及ばず、生物学の知識を持った研究者がデータに望むことが重要なファクターであると考えられます。本セミナーでは、次世代シーケンサの3つのアプリケーションについてケーススタディを行い、生物学的な解釈を行うまでのワークフローを紹介することで、データが出てから結果に至るまでのイメージを掴んで頂ければと思います。

#### ■紹介する3つのアプリケーション

- ・ DNA Variation Analysis : SNP, INDEL検出
- ・ RNA-Seq : 発現差解析、Splice Variant解析
- ・ ChIP-Seq : 転写因子結合領域・結合モチーフ検出