

7月5日(金)18時より
イノベーション棟105室にて

Genome Institute of Singapore(シンガポールゲノム研究所)

リサーチアソシエイト

村谷 匡史 (むらたに まさふみ)

微量臨床サンプルのジェノミクス 解析技術と医科学研究への応用

抄録

- 大規模並列型シーケンサーを用いたゲノム解析は、ゲノムの構造と個人差の疾患におけるインパクトの解明において重要な役割を果たしている。一方で、ジェノミクス解析のバイオプシー検体を含む微量臨床サンプルへの応用には、サンプル必要量やインフォマティクス手法などの技術的な課題も多く残されている。我々のグループでは、アッセイサンプルの調整法とインフォマティクスの両面から、病理組織、単一細胞、血清中フリーDNAなどを対象とした、マイクロスケールでのジェノミクス解析に適したツールの開発と有効性の確認を行ってきた。このセミナーでは、RNA発現プロファイルとクロマチン修飾情報をもとにした統合的エピジェノミクス解析と、そこで得られたゲノム制御領域に関する知見を、マウス実験系とヒト癌組織サンプルの解析例をもとに紹介する。また、今後の研究計画として、病理組織切片の一部からエピジェノミクス解析を可能にするワークフローを用いた、組織内環境における細胞特異的なゲノム制御の理解と疾患メカニズムの解明へのアプローチについて概説する。

参考文献

- Ng JH*, Kumar V*, Muratani M*, Kraus P, Yeo JC, Yaw LP, Xue K, Lufkin T, Prabhakar S, Ng HH. (2013) In vivo epigenomic profiling of germ cells reveals germ cell molecular signatures. *Dev Cell*. 24(3):324-33.
- Kumar V, Muratani M, Rayan NA, Kraus P, Lufkin T, Ng HH, Prabhakar S. (2013) Uniform, optimal signal processing of mapped deep-sequencing data. *Nat Biotechnol*. (Published online, doi: 10.1038/nbt.2596)