

高精度候補探索ツールの紹介

～候補探索の精度の重要性と Missing Pieces の発見～

DNA マイクロアレイ解析、プロテオーム解析、そして最近では、次世代シーケンサによる配列解析と、分子生物学の分野での網羅的解析方法は、桁違いに多量なデータ量を低コストで産出するようになりました。これにより、網羅的な解析を行うことが大変なことではなくなり、網羅解析で得られた多くの候補を得ることができるようになりましたが、その候補をどのようにして絞り込み、機能解析の実験に進むための順位付けを行うかが最も重要となっています。

本セミナーでは、解析支援を行う3つの会社から、最近のトピックである次世代シーケンサを含めた網羅解析のポイントのオーバービューとともに、医療分野における有用な解析ソフトウェアである Subio Platform を紹介し、さらに、解析の結果多量に産出される候補遺伝子を論文情報によって絞込むことができる Keymolnet をご紹介してもらいます。多くのみなさまのご参加をお待ちしております。

場所 疾患プロテオゲノム研究センター1F 交流室

日時 平成 25 年 1 月 30 日 (水) 15:00~17:00

1. 「網羅的解析の重要なポイント」 (30分)

データ解析の視点から見える網羅解析のできる・できないこと。

アレイ解析、次世代シーケンサ (Exome 解析、mRNA-seq)、HiCEP・・・

株式会社メイズ 代表取締役 湯野川春信

2. 「Subio Platform ドライとウェットの橋渡しをする解析ソフト」 (30分)

データ解析を、統計処理することと思っている方が多くいらっしゃいますが、それはほんの入り口に過ぎません。生物学的な解釈には、そこからさらにウェットな研究者を交えた検証に踏みこむことが必要です。Subio Platform は、チームで解析作業をすすめるためのソフトウェア基盤です。

株式会社 Subio 代表取締役 田部暁郎

3. 「論文指向型の分子間ネットワークによる Missing pieces 発見」 (30分)

GO や Pathway 情報で候補遺伝子から、確からしい候補を選ぶことができますか？

アノテータが論文を読みディスカッションを尽くし、10年の歳月をかけて構築したヒトに特化した論文指向型分子間ネットワークデータベースの威力をご紹介します。

株式会社 KM データ 代表取締役 谷口理恵

4. 質疑応答 (30分)

問い合わせ先 疾患プロテオゲノム研究センター

生体機能分野 親泊 (内線:9450) E-mail: oyadomar@genome.tokushima-u.ac.jp