

がん研究へのデータベース応用

愛知県がんセンター
がん標的治療TR分野
梶野 泰祐

ヒトゲノム計画の概要とその意義

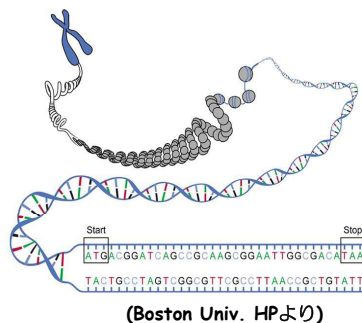
ヒトゲノムの全塩基配列を決定することを目的とするプロジェクト

当初の予定よりも早い2000年にドラフトが完成し、2003年にほぼ全配列の解読が完了した



ヒト染色体上の約30億もの全塩基配列の概要を決定した

このマッピングを元に、異種間保存性、人種による差異、ゲノムワイドな一塩基多型解析などの解析が加速した



本日の内容

- ヒトゲノム計画と次世代シーケンサー
 - ヒトゲノム計画の概要とその意義
 - サンガーシーケンスと次世代シーケンサー（NGS）
 - ゲノム解析への貢献
- 次世代シーケンサーを用いた実験手法
 - NGSの基本的な実験プロセス
 - データ取得から解析までの流れ
 - 実験デザインのポイント
- がん研究への活用と利用例
 - NGSを用いたがん遺伝子解析
 - 公開データベースを活用したがん研究事例
 - NGSの臨床応用と将来展望

ゲノム研究の歴史

