

がんゲノム・トランスクリプトームの統合解析

国立がん研究センター がんゲノム情報管理センター ゲノム解析室

白石友一

種々の生体オミックスデータ計測技術の革新により、ゲノム、トランスクリプトーム、エピゲノム、メタボローム、プロテオームなど、様々なタイプのデータを網羅的に取得することが可能になり、これらを統合的に解析することで、様々な疾患の原因究明、治療の考案に繋がることが期待されている。一方で、こういったオミックスデータの統合的解析のための統計手法は未だに確立されておらず、膨大なデータ持つポテンシャルを活かしきれているとは言い難い現状である。

本発表では、がんのゲノム・トランスクリプトーム解析に焦点を当て、演者が取り組んでいる研究の紹介を行う。まず、がんのゲノム・トランスクリプトーム研究の背景を説明し、その後、演者が取り組んでいる、ゲノム変異とスプライシング異常の関連性を明らかにする統計学的方法論、また大規模データに適用して得られた知見について紹介する。