

プロジェクト名(タイトル):個別化医療のための統合ゲノミクス解析

利用者氏名:

○寺尾 知可史(1)、富塚 耕平(1)、石川 優樹(1)、田中 奈緒(1)、吉野 宗一郎(1)

理研における所属研究室名:

(1) 生命医科学研究センター ゲノム解析応用研究チーム

1. 本プロジェクトの研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

本研究は、個別化医療を実現するために、DNA、RNA、エピゲノム、メタボローム、プロテオームなどの情報を統合し、個々人の遺伝的な傾向と実際の動的な生体情報を組み合わせ、現在の状態を正確に評価し、将来の疾病予測を行うことを目的とする。個別化医療のためには個々人の全ゲノム配列を遺伝子発現データと組み合わせる必要がある。

全ゲノムシーケンスデータは一人当たり100Gにも及び、さらに遺伝子発現データは、エンハンサーRNA同定のためには数億リードのデータが必要であり、計算量が膨大になる。大量の計算のために、スーパーコンピュータを利用する。

2. 具体的な利用内容、計算方法

3. 結果

4. まとめ

5. 今後の計画・展望

6. 利用がなかった場合の理由

予定の作業の優先度が下がり、研究室内計算リソースにて計算が完了したため、本年度の利用は見送った。