

次世代シーケンサーのデータ解析

日本の研究機関には多くの次世代シーケンサー(NGS)がありますが論文の数や質は十分とは言えません。その理由は、データ解析と、結果を解釈する遺伝統計学の不足によると思われます。最近では単純なデータ解析はパイプラインの整備により容易になりましたが、高度の遺伝統計学に基づいた解析や結果の解釈が最大のボトルネックとなっています。

わが社はイルミナ社、およびライフテクノロジーズ社製の様々なシーケンサーのデータ解析の豊富な経験があります。従って、システムの導入段階から機器の選択、試料調整上の注意、コンピュータシステムの整備、必要なパイプラインの整備、データ解析などに関するコンサルテーションを行います。また、ご要望に応じ、解析環境の整備、データ解析のための人材派遣、データ解析受託を行います。更に、最近では単に次世代シーケンサーのデータ解析を行っただけでは論文を書く事は不可能となっています。それを活用し、遺伝統計学の知識に基づいて独自の解析を行い、考察を加えて論文を完成する必要があります。スタージェンではご要望に応じ、遺伝統計学に基づいた解析のコンサルテーションや、論文作成のためのコンサルテーションを行います。

解析の例

1. 遺伝病家系の複数の個体のエキソーム、または全ゲノム配列から配列多様性コールを行った後に責任変異を特定する。
2. 癌ゲノムのエキソーム、または全ゲノム配列から体細胞変異のリストを作成し、様々な遺伝統計学解析を行う。
3. 家系の全ゲノム配列データから新規変異を特定し、遺伝学的見地からの意味付けを行う。
4. 様々なサンプルからのRNA-seq, ChIP-seqデータ解析を行う。
5. 動植物のエキソーム、または全ゲノム配列の解析を行う。

弊社職員が関係した次世代シーケンサーを用いた論文

Miyagawa M et al. PLoS One. 2013;8(8):e71381.

Kohno T et al. Nat Med. 2012;18(3):375-7.

Fujimoto A et al. Nat Genet. 2012;44(7):760-4.

Furukawa T et al. Sci Rep. 2011;1:161.

Okumura A et al. Neuropathology. 2013;33(5):553-60.

他多数