

大規模ゲノムシーケンスからの データマイニング

講師 榊原 康文 (慶應義塾大学・理工学部 教授)

日時: 4月30日(火) 14:00-15:30

場所: 医学部 1階大会議室

入場料: 無料 (どなたでもご参加頂けます)

公開セミナー

近年の次世代シーケンサー技術の登場と、その膨大な情報を処理するバイオインフォマティクス技術の発展は、数十億塩基におよぶ高等生物のゲノムを網羅的に解析することを可能にした。これらの**大量のゲノムデータからコンピュータを用いてどのようにして有用な科学的発見を行うか**について、霊長類ゲノム比較や発がんゲノム解析などの我々の研究も含めてその最前線を紹介する。

一方、創薬の初期ステップであるリード化合物の探索でとくに力を発揮するのが、タンパク質化合物間相互作用のコンピュータ予測である。現在、化合物データベース PubChem には、数千万の化合物情報が蓄積されている。**我々は、この大量データから網羅的に結合化合物を探索するシステムを、統計的学習手法を用いて開発した。それを前立腺がんの治療薬探索に応用した研究についても紹介する。**

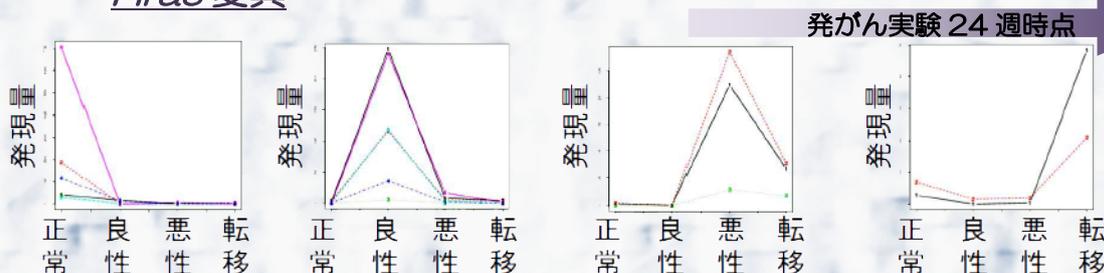
次世代シーケンサーを用いた発がん過程に特徴的な遺伝子群の探索



 **Hras 変異**

非常に多くの
良性腫瘍

数少ない
悪性腫瘍



○主催○ 大学院連合創薬医療情報研究科 桑田研究室
○お問い合わせ先○ T E L : 058-230-6145 (内線 6145)
E-mail : ceid@gifu-u. ac. jp