



鈴木 穰 教授
Yutaka SUZUKI

研究分野：ゲノム科学

研究内容：演者は柏キャンパスにおいて、ゲノム関連技術の支援拠点を運営している。現在、イルミナHiSeqを6台に加えてNovaSeqを導入し、シーケンス出力の向上に努めると同時に、シングルセル解析、ポータブル型シーケンサーMinION等の新規解析技術についての技術開発も行っている。

1994年 東京大学理学部化学科卒業
1999年 東京大学総合文化研究科・博士(学術)
1999年 理化学研究所ゲノムサイエンスセンターリサーチアソシエイト
2000年 東京大学医科学研究所・助手

2004年 東京大学新領域創成科学研究科・准教授
2013年～ 東京大学新領域創成科学研究科・教授

ゲノム解析技術の進展：最近のUpdateについて

今年度に入り、オーミクス計測・解析技術の進展には著しいものがあります。本講演では、シングルセル解析、ナノポアを用いたシーケンス解析について、そのUpdateを概観したいと思います。

シングルセル解析

シングルセル解析について、柏拠点では、フリューダインC1システム、10X Genomics Chromiumシステム、BioRad Rhapsodyシステム、BioRad ddSEQシステムを用いた支援を実施しています。このうち、現在、もっとも頻繁に用いられているChromiumシステムを用いた解析について、最近になってそれぞれの解析ステップにおける基本的解析パイプラインが整備されました。Cell Rangerを用いた基礎データ整備、Seuratによるバッチ効果低減、Monocle2によるpsuedotime解析について、柏拠点での実施例をもとにその解析フローについて紹介します。またChromiumシステムについては、12月に入って、鋳型調整試薬が一新されました。新しい試薬を用いることで、従来より高感度での遺伝子発現解析が可能です。

また、シングルセルATAC解析、シングルセルCNA解析も可能となりました。これらについても、我々が行った基礎検討の状況について紹介します。

ナノポア関連解析

一方で、ナノポア関連解析についてもUpdateが相次いでいます。現在、柏拠点では、PromethIONを稼働し、50-100Gb/Flowcellでの支援解析を実施しています。また、ヒトDNAのCpGメチル化解析についてもデータの生産を開始しました。これらの解析について、来年1月には、その根幹となるFlowcellがR10へと更新されます。これによりシーケンス精度について3%程度等の改良が見込まれています。また現行のbase callerであるAlbacoreの廃止、現在、PromethIONで用いられているGuppyの標準化等、解析パイプラインも一新されます。これらについても演者の知りうる限りの最新情報を共有したいです。