



第 433 回 発生研セミナー

兼 NGS 座談会

遺伝子発現変動を自動的に可視化する RNA-seq 統合解析ツールの開発

衛藤 貫

熊本大学発生医学研究所 細胞医学分野 研究員

日 時: 令和 4 年 1 0 月 2 5 日 (火) 1 4 : 0 0 ~ 1 5 : 2 0

場 所: 発生医学研究所 1 階カンファレンス室 + Zoom 配信

RNA シーケンス (RNA-seq) は網羅的な遺伝子発現変動解析 (DEG 解析) に不可欠なツールである。原著論文で使用された RNA-seq のデータセットは誰でも再利用できるように Gene Expression Omnibus (GEO) に集約されている。現在、数万以上のデータセットが再解析可能な状態にあり、一般的に利用される組織・細胞株のデータも豊富にあるので、分子生物学の研究を進める上で有益な情報が得られる可能性を秘めている。しかしながら、DEG 解析は煩雑で時間も要するために、短時間で再現性のあるデータ解析をするためには情報科学の専門知識が求められる。そこで私は、専門的知識不要で再現性のあるデータ解析が可能となるウェブツール (RNAseqChef と名付けた) を新たに開発した。RNAseqChef は、RNA-seq 解析により得られたカウントデータを自動的に解析・可視化するツールである。RNAseqChef を用いることで、単一のデータセットの解析のみならず、複数のデータセットの統合解析が直感的な操作のみで可能となる。本セミナーでは、具体的にどのような解析ができるか概要の説明 (前半: 発生研セミナー) と操作方法の実演 (後半: NGS 座談会) を行う予定である。

【連絡先】 発生医学研究所 細胞医学分野 中尾 光善 (内線 6800)