



川路 英哉 (ゲノム医学研究センター)

kawaji-hd @igakuken.or.jp / 03-5316-3128 (ex. 3140)

ゲノムDNAを“隅々まで”理解し、先駆的な医療へつなぐ

連携先 お茶の水女子大学、横浜市立大学

(連携大学教員: 吉沢直子)

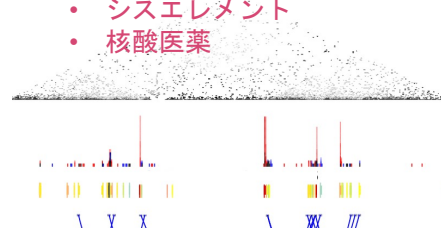
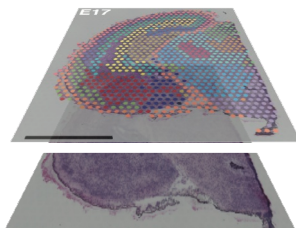
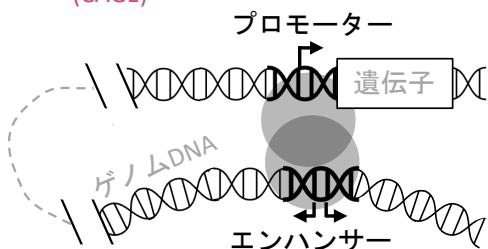
ゲノムの99%を占める非コード領域が支配する、遺伝子発現の制御を理解する

転写開始点解析 (CAGE) 長鎖RNA解析 (Long RNA-seq)

空間発現解析 (spatial transcriptome)

データベース利用・構築

アルゴリズム開発



```
classify_convergent_divergent ()
{
  local outfile_convergent=$1
  local outfile_divergent=$2

  awk \
  --assign outfile_convergent=$outfile_convergent \
  --assign outfile_divergent=$outfile_divergent \
  '{
    left_fwd = $2; left_rev = $3; right_fwd = $4; right_rev = $5

    if ( (left_rev + right_fwd) == 0 ) { next }
    convergency = (left_fwd + right_rev) / (left_rev + right_fwd)
    if ( convergency > 1 ) { print > outfile_convergent".txt"; }
    print > outfile_divergent".txt"
  }'

  cat $outfile_convergent".txt" \
  | sed -e 's/|/t/g' | cut -f 1-3 | sort $SORT_OPT_BED \
  | mergeBed -l stdin \
  > $outfile_convergent

  cat $outfile_divergent".txt" \
  | sed -e 's/|/t/g' | cut -f 1-3 | sort $SORT_OPT_BED \
  > $outfile_divergent
}
```

超並列 レポーターアッセイ

エピゲノム編集 (CRISPRa/i)

一細胞発現解析 (scRNA-seq)

大規模 データ解析

深層学習の活用

遺伝子制御を細胞・塩基単位で理解する、実験測定

ゲノム機能を俯瞰的に理解する、データ分析

各分野の専門家とオープンに議論できる環境です。新しい測定技術やデータサイエンスを駆使した解析、ゲノム機能や疾患研究に興味がある方、ぜひ共に研究しましょう。

発表論文 Vuoristo, S., et al. iScience 25, 104137 (2022); Koido, M., et al. Nat Biomed Eng (2022); Yoshizawa-Sugata, N., et al. J. Biol. Chem. 297, 101367 (2021); Jayakumar, V., et al. Sci Data 8, 159 (2021); Ito, Y., et al. Sci. Rep. 11, 9355 (2021); Abugessaisa, I., et al. Nucleic Acids Res. 49, D892–D898 (2021); Hirabayashi, S., et al. Nat. Genet. 51, 1369–1379 (2019).