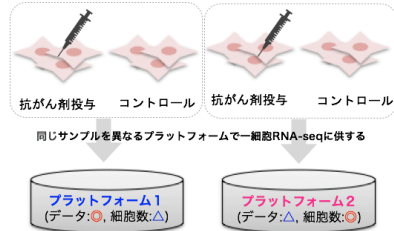


一細胞RNA-seq解析による薬剤反応多様性の解明

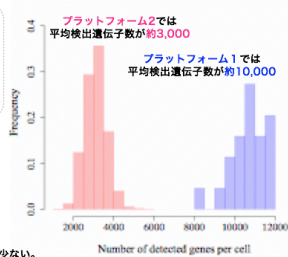
① 2つのscRNA-seqプラットフォームからは、特徴の異なるデータセットが獲得される

i) scRNA-seqでがん細胞株を解析

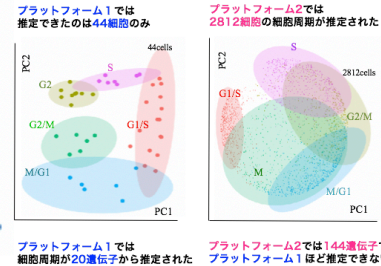


プラットフォーム1では、個々の細胞のデータは十分だが、解析できる細胞数は少ない。
プラットフォーム2では、多くの細胞を解析できるが、細胞ごとのデータは希薄。

ii) 検出遺伝子数の比較



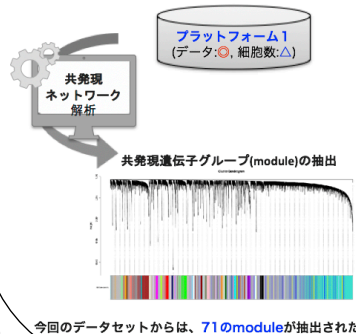
iii) 各細胞の細胞周期を推定



② データセット統合により抗がん剤耐性に関与する細胞を探索

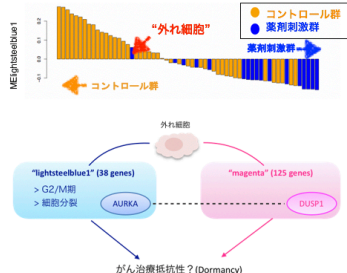
i) 共発現ネットワークの抽出

プラットフォーム1のデータセットを元に情報解析、共発現ネットワークを抽出



ii) moduleを用いた"外れ細胞"の検出

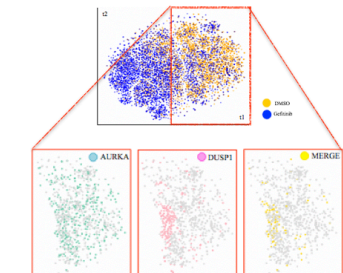
共発現ネットワークを利用して細胞をクラスタリング。他とは異なる挙動を示す"外れ細胞"が検出された



"外れ細胞"では、がんに関連が報告されている遺伝子が特異的に高発現になっていることが明らかになった

iii) moduleを用いたデータの写像

プラットフォーム1のmoduleを利用してプラットフォーム2のデータセットを解析。



職業性胆管がんの特異的な変異パターンの発見と発がん過程の予測

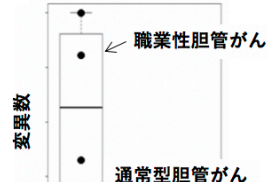
印刷工場集団発症した胆管がん

疫学的特徴

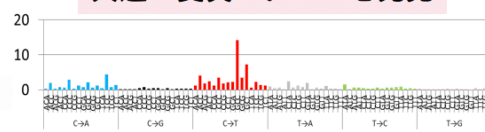
化学物質大量曝露

手術切除4症例の網羅的ゲノム解析

通常の約30倍の変異検出



共通の変異パターンを発見



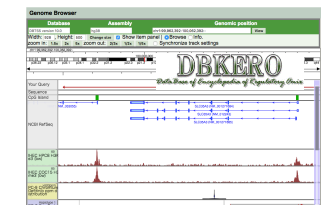
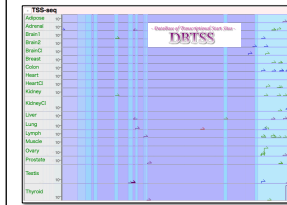
共通の強い変異原性物質曝露の証拠
胆管がん原因遺伝子に変異

発がん

(Mimaki, S., et al. Carcinogenesis 2016.)

大規模データからの情報抽出

i) データベースの構築



転写開始点データベースDBTSS

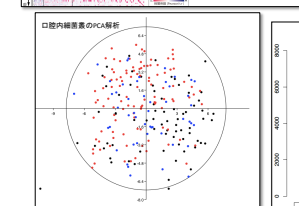
統合オミックスデータベースDBKERO

データ整理・データベース構築



効率の良いアルゴリズムAIを用いたデータ抽出技術

ii) 生物学的な情報抽出



がん発生・治療メカニズム解明