

課題名 (タイトル) :

ENCODE プロジェクト

利用者氏名 : 橋本 浩介

所属 : 横浜研究所 オミックス基盤研究領域 ゲノム機能研究チーム

1. 本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

Encode プロジェクトはヒトゲノムに由来するすべての機能性エレメントを明らかにする国際的なプロジェクトである。本研究室は、CAGE 技術を用いてヒトの様々な細胞における転写開始点を網羅的に決定するという役割で、このプロジェクトに参加している。

2. 具体的な利用内容、計算方法

CAGE ライブラリのシーケンシングから得られた配列を処理し、リファレンスゲノムへのマッピングを行った。次に、得られたタグのクラスタリングを行い、転写開始点および発現量を決定した。また、発現量が biological replicates の間でどれほど再現性があるかの検証も行った。

3. 結果

得られたデータは Encode Consortium の規定するフォーマットに変換され、他のグループのデータとともに公開されている。

4. 今後の計画・展望

シーケンサーから得られた配列の加工、マッピング等は終了したため、今後はデータの解析を行う。