

課題名 (タイトル) :

## 次世代シーケンサーのバイオインフォマティクス解析

利用者氏名 : ○二階堂 愛\*

所属 : \*情報基盤センター バイオインフォマティクス研究開発ユニット

<p>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</p> <p>本課題では、RICC 上に次世代シーケンサーのデータ解析パイプラインを構築することを目的とした。次世代シーケンサーは一度の実験で、数百 Gb のデータを出力する。このデータを高速にデータ解析し、生物学的な知識に結び付けるには、大量の計算リソースが必要とされる。次世代シーケンサーのデータは生体サンプルや遺伝子単位など細かいユニットに分割することができるため、計算も RICC のように大規模な CPU 数を誇るコンピュータで分散計算しやすいデータである。これらのことから、私は RICC を利用し、次世代シーケンサーデータに対して一連の解析が行えるようデータ解析パイプラインを構築することを目指した。特に、タンパク質がゲノム上のどの位置に結合しているかを調べることができる ChIP-seq のデータ解析パイプラインを RICC に構築する。さらに 1 細胞 RNA-Seq のデータ解析パイプラインの研究開発を行う</p> <p>2. 具体的な利用内容、計算方法</p> <p>昨年度まで構築してきた 1 細胞 RNA-Seq のデータ解析パイプラインをデータ解析パイプライン管理ソフト Galaxy 上に再構築した。これにより、ウェブインターフェイスを利用して、RNA-Seq のデータ解析が実行できるようになった。さらに、Galaxy 上でデータ解析パイプラインが実行できる仮想計算機イメージを構築した。また昨年度にはなかった遺伝子発現差解析のツールをパイプラインに組み込んだ。</p> <p>3. 結果</p> <p>胚性幹細胞と原始内胚葉様細胞の 1 細胞 RNA-Seq データを用いて、発現差解析を行った。その結果、発現差のある既知の遺伝子をすべて発見することができた。この解析環境を仮想計算機イメージとして構築し、ビッグデータクラウドにて正常な動作を確認できた。</p>	<p>4. まとめ</p> <p>1 細胞 RNA-Seq データ解析パイプラインを Galaxy 上に再構築し運用した。さらに仮想計算機イメージを構築した。</p> <p>5. 今後の計画・展望</p> <p>新システムでの仮想マシン実行テストが可能であれば行いたい。</p> <p>6. 利用がなかった場合の理由</p> <p>ビッグデータクラウドを利用して開発を進めたため。</p>
--	--

平成 26 年度 RICC 利用研究成果リスト

【国際会議、学会などでの口頭発表】

- Itoshi NIKAIDO. TBA. RIKEN Single-Cell Workshop, 16-17 Feb. 2014, Yokohama, Japan. (Invited Talk)
- Itoshi NIKAIDO. Estimation of transcriptional activity from ChIP-Seq and transcriptome. Computational Science in Epigenetics. 13-14 Feb. 2014. Kobe. Japan. (Invited Talk)
- 二階堂愛. 細胞集団の不均質性を高精度計測する RNA シーケンス技術. PDIS 最先端セミナー. 創薬につながる日本の創薬基盤技術 ―構造生物学とゲノム科学の最前線はここまで来た― 2015/02/04. 東京. (招待講演)
- 二階堂愛. iPS・分化細胞集団の不均質性を 1 細胞・全遺伝子解像度で高速に測定する技術の開発. 再生医療実現拠点ネットワークプログラム 平成 26 年度公開シンポジウム (一般向けポスター発表)
- Itoshi NIKAIDO. Quartz-Seq: An extremely reproducible and sensitive single-cell RNA sequencing method. 2nd UK-JAPAN Workshop on Neural Epigenetics. “Epigenetics and transcription in the brain: toward single cell analysis”. London UK. 15-17 December 2014 (Invited talk)
- 二階堂愛. 胚・細胞の品質管理に向けた高精度 1 細胞 RNA-Seq 法の開発. シンポジウム「ゲノムからみた遺伝育種と生命進化」. 日本動物遺伝育種学会第 15 回年次大会. 理化学研究所和光キャンパス. 2014/10/31 (招待講演)
- 二階堂愛. State-of-the-art technology of single-cell transcriptome sequencing. 細胞計測、細胞シミュレーション、そしてゲノム人工合成の革新的融合. 第 87 回日本生化学会大会. 京都. 2014/10/15 (招待講演)
- Itoshi NIKAIDO. The Art of Single-Cell DNA Sequencing. RIMD Seminar: Cherry-picking of microarray and NGS data. The Research Institute for Microbial Diseases, Osaka University. Osaka. 2014/04/11 (Invited)