

プロジェクト名(タイトル): 転写因子による免疫細胞分化制御機構の解明

利用者氏名:

○谷内 一郎 (1), 奥山 一生 (1), 小川 ちひろ (1), Nomura Aneela (1), Zou Chengcheng (1), and Zheng Jiawen (1)

理研における所属研究室名:

(1) 生命医科学研究センター 免疫転写制御研究チーム

1. 本プロジェクトの研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

最近の細胞分化制御研究分野、特に転写因子を介した遺伝子発現制御機構の解明においては RNA-seq 法、クロマチン免疫沈降(ChIP)法によるゲノム結合領域の同定(ChIP-seq 法)が必須であり、次世代シーケンサー(NGS)を活用したデータ取得とその解析を頻用されている。またこのようなデータは多くの研究室から次々に public database に登録されており、活用できるデータ量が加速度的に増加している。シーケンスデータに限らず、タンパク相互作用や代謝物の網羅的解析データも増加し、これら多階層での omics データを統合的に解析することが、必須である時代となった。大容量データのバイオインフォマティクス解析を効率よく行うには、一研究室での PC のスペックでは困難であり、スーパーコンピュータを使用する必要がある。

2. 具体的な利用内容、計算方法

次世代シーケンサー(NGS)を活用したデータの解析。具体的にはナイーブ CD8T 細胞から取得した mRNA の sequence データを anaconda package STAR を用いて mm10 マウスゲノム reference にマップし、同時に定量解析も行った。

また CD8 遺伝子発現維持に関与する分子を gRNA library を用いた CRISPR/Cas9 のスクリーニング結果の解析を行った。具体的には Megack, anaconda, R, Python3 packages を用いた解析を行った。

3. 結果

RNA-seq 解析では Bam ファイルを用いて発現量に差がある遺伝子群を抽出した。

CRISPR/Cas9 のスクリーニングでは CD8 遺伝子発現維持に必要な複数の候補分子を抽出し、期待した成果が得られ。

4. まとめ

Hokusai でのマウスゲノム reference へのマッピング解析は高速で一日で終了し、解析に必要な時間を大幅に削減できた。

また CRISPR/Cas9 のスクリーニングでのデータ解析も良好に行えた。

5. 今後の計画・展望

今後の RNA-seq, ChIP-Seq, single cell RNA-seq データの解析に使用する。

6. 利用がなかった場合の理由