

プロジェクト名(タイトル): 個別化医療のための統合ゲノミクス解析

利用者氏名:

○寺尾 知可史(1)、冨塚 耕平(1)、石川 優樹(1)、田中 奈緒(1)、吉野 宗一郎(1)、横山洋一(1)、藤原みなみ(1)、前田輝世(1)、河野 あずさ(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 ゲノム解析応用研究チーム

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

本研究は、個別化医療を実現するために、DNA、RNA、エピゲノム、メタボローム、プロテオームなどの情報を統合し、個々人の遺伝的な傾向と実際の動的な生体情報を組み合わせ、現在の状態を正確に評価し、将来の疾病予測を行うことを目的とする。個別化医療のためには個々人の全ゲノム配列を遺伝子発現データと組み合わせる必要がある。

全ゲノムシーケンスデータは一人当たり 100G にも及び、さらに遺伝子発現データは、エンハンサーRNA 同定のためには数億リードのデータが必要であり、計算量が膨大になる。大量の計算のために、スーパーコンピュータを利用する。

2. 具体的な利用内容、計算方法

今年度は遺伝子発現制御領域を同定するため、RASQUAL を用いてヒトのオープンクロマチンの QTL 解析を実施した。

3. 結果

あらかじめ同定した 1 細胞あたり約 1M のオープンクロマチンピークデータを入力にして、RASQUAL を用いて 10 細胞分のクロマチン QTL の計算を行った。

平均 1000 個前後のクロマチン QTL を同定した。

また、同定したクロマチン QTL の妥当性を検証するため、1 細胞分について異なるピークデータを用いて RASQUAL の追加解析を実施した。その結果ピークデータの長さを調整することにより、クロマチン QTL の同定数が 646 個から 746 個の約 1.2 倍の結果を得ることが出来た。

4. まとめ

予定していた 29 細胞中 10 細胞分のクロマチン QTL の計算が完了し、平均 1000 個程度のクロマチン QTL の同定

を行った。

また、ピークデータの長さを調整することによりクロマチン QTL の数が増える可能性があることを確認した。

5. 今後の計画・展望

今年度までに完了しなかった残り 19 細胞分の RASQUAL の実施、およびピークデータを調整した追加解析を実施し、より精度の高いクロマチン QTL を同定するため解析作業を継続する。

6. 利用がなかった場合の理由