

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

<p>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</p> <p>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)に加え一細胞レベルでの解析(scRNA-seq 法等)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。またこの様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性がある。</p>	<p>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。</p> <p>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。</p>
<p>2. 具体的な利用内容、計算方法</p> <p>次世代シーケンサー(NGS)を活用したデータの解析。</p> <p>10x Genomic で得た scRNA-Seq データを Cellranger pipeline を使用して解析した。</p>	<p>5. 今後の計画・展望</p> <p>今後の RNA-seq, ChIP-Seq, single cell RNA-seq データの解析に使用する。</p>
<p>3. 結果</p> <p>胎児肝臓の血球系前駆細胞の scRNA-seq 解析では、17種類の細胞集団を同定することが出来た。予想された様に HEC, MPP, GLMP, LMP, CMP, CLP, GMP, MEP に相当すると思われる細胞集団が含まれており、良好な結果を得ることが出来た。</p> <p>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た。</p>	<p>6. 利用がなかった場合の理由</p>
<p>4. まとめ</p> <p>Hokusai でのマウスゲノム reference へのマッピング解析は</p>	