

プロジェクト名(タイトル):

利用者氏名:○谷内 一郎 (1), 奥山 一生 (1), 小川 ちひろ (1), 山下 基 (1), 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ー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を予定したが、本年度は、具体的な利用内容は無かった。

3. 結果

上記に記載の様に、本年度は、具体的な利用内容は無かった。

4. まとめ

上記に記載の様に、本年度は、具体的な利用内容は無かった。

5. 今後の計画・展望

来年度は利用に資する NGS データを取得したい。

6. 利用がなかった場合の理由

本年度は研究内容の変更等により、大容量データのバイオインフォマティクス解析を必要とするデータを取得することが無かったから。