

細胞生物学と研究自動化のための バイオインフォマティクス

尾崎 遼 准教授

筑波大学 医学医療系 生命医科学域
バイオインフォマティクス研究室 /
筑波大学 人工知能科学センター



データ解析技術・ソフトウェア開発



大規模データ解析による概念実証



発表者はこれまで1細胞RNA-seqデータ解析技術の開発と応用に従事してきた。特に、従来の遺伝子発現行列の解析ではscRNA-seqデータに含まれる貴重な情報が見逃されているという観点から研究を進めてきた。

具体的には、(1)遺伝子アノテーションに含まれていないエンハンサーRNAの1細胞解析、また、(2) RNAプロセッシング現象も反映するリードカバレッジの1細胞解析、(3) 1細胞RNA-seqを大量のバルクRNA-seqと効果的に組み合わせ膵腺癌予後細胞間相互作用の探索、などがある。加えて、1細胞空間トランスクリプトームデータから、特に同一細胞型の細胞間で不均一性を生じうる細胞間相互作用を抽出する手法を開発し、大脳皮質および大腸のデータに適用して興味深い結果を得ている。さらに、1細胞RNA-seqデータのQC (Quality control) の自動化技術も開発してきた。本講演ではこれまで発表者が実施してきた情報解析技術の開発や応用について紹介する。

参考文献

T Hayashi, H Ozaki, et al., Single-cell full-length total RNA sequencing uncovers dynamics of recursive splicing and enhancer RNAs. *Nature Communications*, 9, 1, 619 (2018)

H Ozaki et al., Millefy: visualizing cell-to-cell heterogeneity in read coverage of single-cell RNA sequencing datasets. *BMC Genomics*, 21, 1, 177 (2020)

S R Suzuki, et al., Cell-to-cell interaction analysis of prognostic ligand-receptor pairs in human pancreatic ductal adenocarcinoma. *Biochemistry and biophysics reports*, 28, , 101126 (2021)

T Tsuchiya and H Ozaki. "CCPLS reveals cell-type-specific spatial dependence of transcriptomes in single cells." *bioRxiv* (2022)

2022年9月8日(木) 16:00-17:30 オンライン開催 (Zoom)

本セミナーは集中講義の一環です。受講者は必ず聴講してください
一般参加ご希望の方にはZOOMリンクをお送りするのでご連絡ください。

問い合わせ先: 日原 (hihara@mail.saitama-u.ac.jp)