

## 研究開発実施報告

### □概要

研究開発課題名	疾患ヒトゲノム変異の生物学的機能注釈を目指した多階層オームクスデータの統合
開発対象データベースの名称 (URL)	DBKERO(DataBase of Encyclopedia of Regulatory Omics) ( <a href="http://kero.hgc.jp/">http://kero.hgc.jp/</a> )
研究代表者氏名	菅野 純夫
所属・役職	東京医科歯科大学 難治疾患研究所 非常勤講師 (2019年3月時点)

### □目次

§1. 研究実施体制 .....	2	③ 口頭講演 .....	11
§2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等 .....	3	④ ポスター発表 .....	12
(1) データベース一覧 .....	3	(4) 知的財産権の出願 .....	12
§3. 実施内容 .....	4	(5) 受賞・報道等 .....	12
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標 .....	4	① 受賞 .....	12
(2) 進捗状況 .....	6	② メディア報道 .....	12
§4. 成果発表等 .....	11	③ その他の成果発表 .....	12
(1) 原著論文発表 .....	11	§5. 研究開発期間中に主催した活動 (ワークショップ等)	12
① 論文数概要 .....	11	1. 進捗ミーティング .....	12
② 論文詳細情報 .....	11	2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等 .....	12
(2) その他の著作物 (総説、書籍など) .....	11		
(3) 国際学会および国内学会発表 .....	11		
① 概要 .....	11		
② 招待講演 .....	11		

## §1. 研究実施体制

グループ名	研究代表者または主たる共同研究者氏名	所属機関・役職名	研究題目
菅野グループ(医科歯科)	菅野 純夫	東京医科歯科大学・非常勤講師	DBKERO開発の総括と計算機基盤の整備
菅野グループ(東大)	菅野 純夫	東京大学・客員共同研究員	DBKEROとツールの開発
土原グループ	土原 一哉	国立がん研究センター・分野長	がんゲノム多層オーミクスDBの開発と運用。
徳永グループ	徳永 勝士	東京大学・教授	ヒトゲノム多型・変異データベースの拡充。
井ノ上グループ	井ノ上 逸朗	国立遺伝学研究所	ヒトゲノム多型・変異データベースの拡充。

## §2. 研究開発対象とするデータベース・ツール等

### (1) データベース一覧

#### 【主なデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	DBKERO : 疾患ゲノム多層オーミクス機能注釈データベース	DBKERO	<a href="http://kero.hgc.jp/">http://kero.hgc.jp/</a>

#### 【その他のデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	BEACON SCAN	なし	<a href="http://dbtss.hgc.jp/cgi-bin/ucscBeacon/query">http://dbtss.hgc.jp/cgi-bin/ucscBeacon/query</a>
2	DBKERO RDF viewer	なし	<a href="http://kero.hgc.jp/rdf/">http://kero.hgc.jp/rdf/</a>
3	DBKERO RDF sparql endpoint	なし	<a href="http://kero.hgc.jp/rdfs/services/kero/sparql.htm">http://kero.hgc.jp/rdfs/services/kero/sparql.htm</a>

### §3. 実施内容

#### (1) 本年度の研究開発計画と達成目標

- IHEC-CREST データについて、今年度公開したデータベースの動作確認および種々の最終確認を行う。また、IHEC-CREST チームより最終年度に補完的に産出されたデータセットについて、Update を行うことで CREST-IHEC の最終成果とする。また IHEC の他国産出関連データについては IHEC データポータルについてリンクを整備する。DBKERO の他の部分、特にデータの整備に目途が立った HVDB における日本人 SNP のデータとの統合についてもその実務を開始する。今年度、新規に収載を予定する IHEC データセットは以下の通り。

IHEC の追加予定データセット

器官	サンプル数 (検体)	データセット数
胃	14	RNA-seq: 11, BS-seq: 14, ChIP-seq: 47
子宮内膜	1	ChIP-seq: 1
血管内皮	14	ChIP-seq: 53

- HVDB について、残りのデータを移設し、全データについて最終確認を行う。データベースを公開して最終動作確認を行う。今年度、新規に収載を予定するデータセットは以下の通りである。

疾患名	検体数	概要
脾類上皮嚢腫のエクソーム解析	2検体	エクソーム解析に伴う変異データ(pool)
四肢突発性筋痛症のエクソーム解析	2検体	エクソーム解析に伴う変異データ(pool)
永久歯萌出不全のエクソーム解析	2検体	エクソーム解析に伴う変異データ(pool)
家族性腎臓病のエクソーム解析	4検体	エクソーム解析に伴う変異データ
IgA腎症のエクソーム解析	52検体	エクソーム解析に伴う変異データ (ゲノム支援)
慢性関節リウマチのエクソーム解析	59検体	エクソーム解析に伴う変異データ (ゲノム支援)
大腸癌のエクソーム解析	50検体	エクソーム解析に伴う変異データ (ゲノム支援)
永久歯欠如のエクソーム解析	48検体	エクソーム解析に伴う変異データ (ゲノム支援)
MODYのエクソーム解析	59検体	エクソーム解析に伴う変異データ (ゲノム支援)
脾類上皮嚢腫のエクソーム解析	8検体	エクソーム解析に伴う変異データ
家族性腎臓病のエクソーム解析	4検体	エクソーム解析に伴う変異データ
コーデン病のエクソーム解析	5検体	エクソーム解析に伴う変異データ
間質性腎炎のエクソーム解析	8検体	エクソーム解析に伴う変異データ
ウォルフラム症候群のエクソーム解析	4検体	エクソーム解析に伴う変異データ
卵巣癌のエクソーム解析	48検体	エクソーム解析に伴う変異データ
日本人健常者	400検体	エクソーム解析に伴う変異データ
多系統萎縮症のエクソーム	600検体	エクソーム解析に伴う変異データ (ゲノム支援)
HLA配列データ1	7検体	HLA領域ホモ接合セルライン
HLA配列データ2	10検体	完全胞状奇胎
HLA配列データ3	1検体	HLA領域ホモ接合セルライン化前DNA

- 東北メガバンクと、データ公開条件等についての付帯条件を整理し、本データベースに収載する。現在、同データベースにはゲノム座標を起点にした形でリンクを行っているが、より抜本的な形での連携の可能性について協議する。
- 九州大学で運用する ChIP Atlas とのデータリンクを実装する。九州大学側でのありうべき受け渡しデータ形式についての情報収集は終了している。DBKERO 側で、ChIP Atlas 側のデータを表示する形での試作版を作製する。

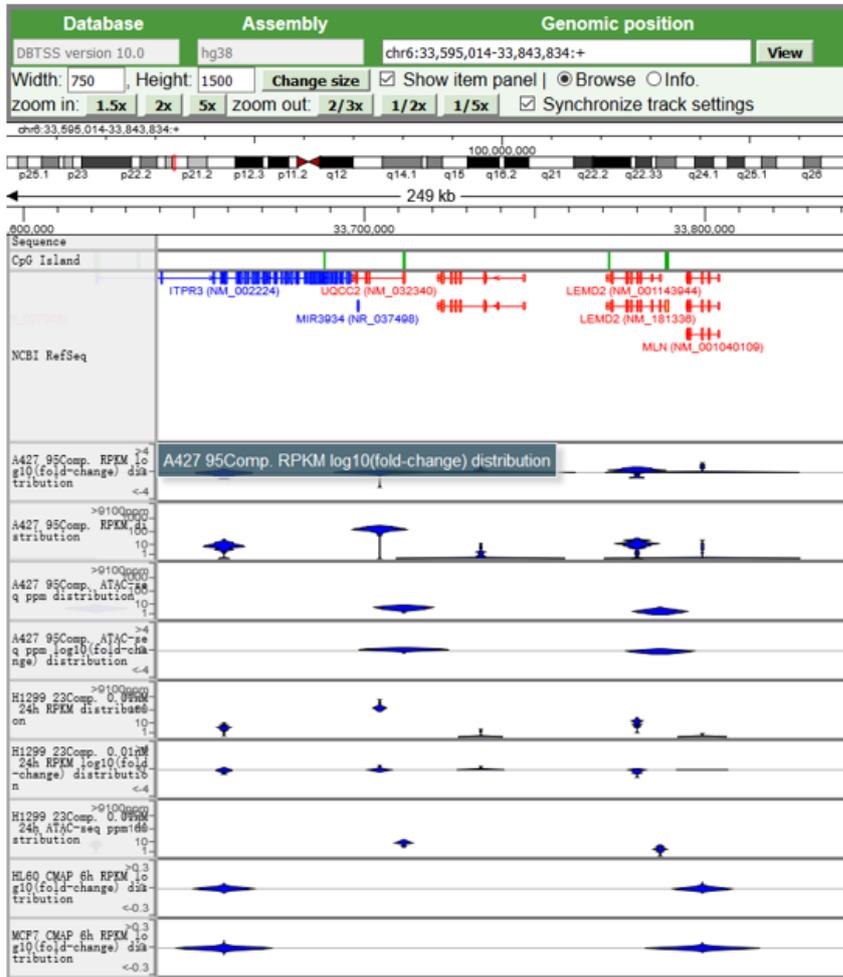
- 第二期が開始された新学術領域「先進ゲノム支援」からもデータ産出が開始されている。これらについてマウス等モデル生物において、ヒトの病態関連解析、生物学的特性解析を指向したものについて、ヒトデータと関連付けて公開する。格納データについては、データ産生者が本支援活動の公開ポリシーに従ってデータを一般公開する際に、それと連動させる形で公開するものである。これにより、現在、DBJ (DRA)に配列のみが登録されている収集データの付加価値を高めるものである。現在までにデータの1次公開に目途がついており、来年度中の DBKERO から追加公開の継続を計画しているデータセットは以下の通りである。

生物種・データ内容	DRA Accession#	解析の種類
CLOCK related data of mouse liver	DRA001050	RNA-seq, ChIP-seq
	DRA001278	RNA-seq
T helper cell data of mouse	GSE51079	ChIP-seq
	GSE28292	ChIP-seq
Reg1[-/-],Roquin[San/San] data of mouse embryonic fibroblasts	DRA003234	RNA-seq
granulocyte macrophage progenitors (GMPs) data of mouse	DRA000485	ChIP-seq
	DRA000486	ChIP-seq
	DRA000487	ChIP-seq
	DRA000488	ChIP-seq
	DRA000858	ChIP-seq
Germ Cell Methylation data of mouse	DRA000484	RNA-seq, MethylC-seq, WBA-seq
	DRA000607	BS-seq (PBAT)
CD4Tcell/Bcell/EScell data of mouse	GSE73825	RNA-seq
HBZ over-expressed mouse	DRA003229	RNA-seq, ChIP-seq
	DRA003744	ChIP-seq

- 先進ゲノム支援関連データを模擬データに、前年度までに開発の遅れていたメタデータについての RDF 化の枠組みを構築する。
- BioBank Japan あるいは AMED の主導のもと、いくつかの日本人ゲノム多型の大規模データの収集が開始されている。これらについては次年度以降の統合の可能性をいらんで担当者との協議を開始するものである。
- 大規模薬剤刺激オーミックデータについては、そのデータの1次加工が完了した。これらについて、新規のブラウザを開発し、その公開を行う。第1期の公開は、申請者らが取得した肺腺がん細胞株パネルに対する96化合物刺激条件で取得された RNA Seq/ATAC Seq データセット合計 1 万セットよりなる。詳細を以下に示す。

データセット	
95化合物	肺腺癌 23セルライン (各RNA-seq, ATAC-seq)
23化合物	肺腺癌 5セルライン×4濃度×3タイムコース (各RNA-seq, ATAC-seq)

## 薬剤摂動 化合物での発現変動



### (2)進捗状況

- IHEC-CREST データについて、前年度までに公開したデータベースの動作確認および種々のデータ品質確認を行った。また、IHEC-CREST チームより最終年度に補完的に産出されたデータセットについて、Updateを行った。IHEC の他国産出関連データについては IHEC データポータルについてリンクを整備した。これにより、CREST-IHEC 関連データ取扱いについては、一部、元データに修正があったものも反映させて、全工程が終了した(図 1)。

DBKERO の他の部分、特にデータの整備に目途が立った HVDB における日本人 SNP のデータとの統合についてもその実務を開始した。

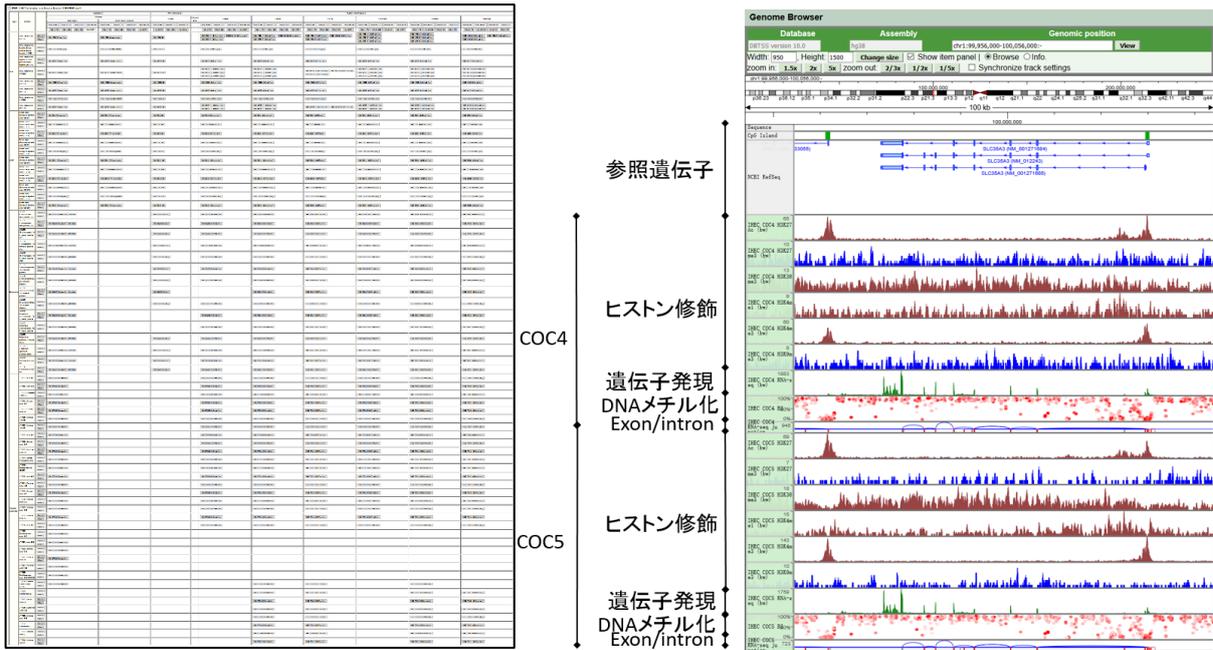


図 1 IHEC の最終確定ブラウザ(左図はデータの一覧図、右図は表示例)

・HVDB について、残りのデータを移設し、全データについて最終の形式、品質確認を行った。データベースを公開して最終動作確認を行った(図 2)。

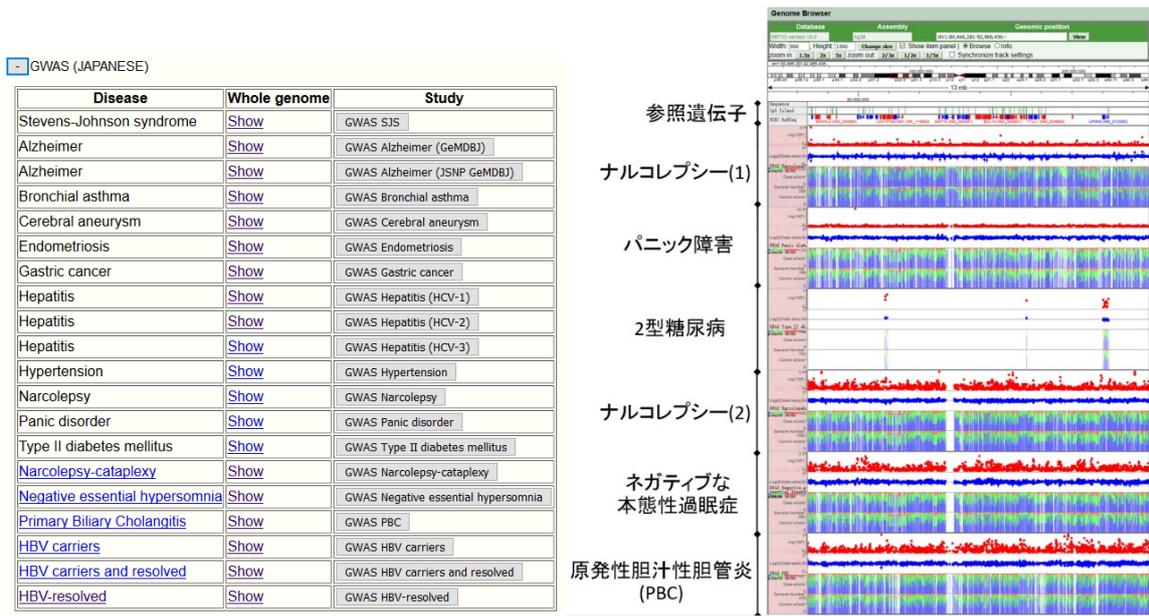


図 2 HVDB の最終確定ブラウザ(左図は搭載データの一覧、右図は表示例)

・東北メガバンクと、データ公開条件等についての付帯条件を整理し、本データベースへの収載を進めている。現在までに、同データベースとの相互参照はゲノム座標を起点にしたリンク形式で行っている(図 3)。今後のより抜本的な形での連携の可能性について協議を継続している。

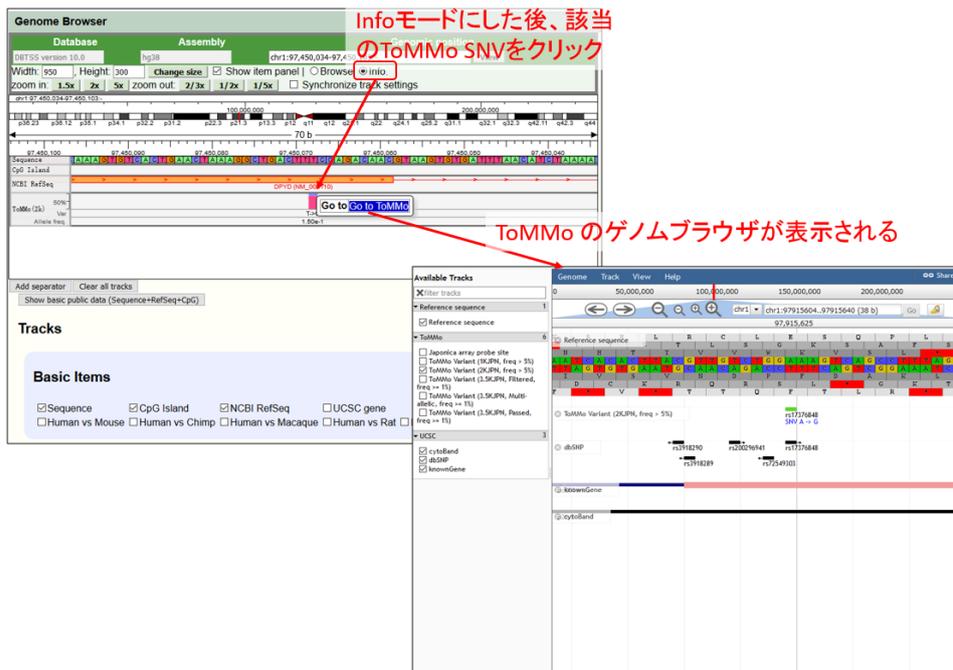


図 3 東北メガバンクとの相互データ参照  
 ※ToMMo は公開の許諾が得られないため内部閲覧のみ

- 九州大学で運用する ChIP Atlas とのデータリンクの実装を行った。DBKERO 側で、ChIP Atlas 側のデータを表示する形での試作版を作製することができた(図 4)。実際には、ヒト-マウスデータの大部分については、実データ収載作業が完了しており、来年度、全ての関連データについて作業を拡張する予定である。また九州大学側に負担のかからない受け渡しデータ形式を整備し、今後の Update についても継続的に対応する体制を確立する。

ChIP-Atlas (Peak Browser) [MACS threshold = 50] (Ver. Jun. 11, 2018) <sup>New</sup>

Cell type	Antigen						
	DNase-seq (all)	Histone (all)	RNA polymerase (all)	TFs and others (all)	Input control (all)	Unclassified (all)	No description (all)
Adipocyte (all)	<a href="#">DNase@Adip30</a>	<a href="#">Hist@Adip30</a>	<a href="#">Pol@Adip30</a>	<a href="#">Oth@Adip30</a>	<a href="#">Inpt@Adip30</a>	<a href="#">Unc@Adip30</a>	<a href="#">NoD@Adip30</a>
Blood (all)	<a href="#">DNase@Blood30</a>	<a href="#">Hist@Blood30</a>	<a href="#">Pol@Blood30</a>	<a href="#">Oth@Blood30</a>	<a href="#">Inpt@Blood30</a>	<a href="#">Unc@Blood30</a>	<a href="#">NoD@Blood30</a>
Bone (all)	<a href="#">DNase@Bone30</a>	<a href="#">Hist@Bone30</a>	<a href="#">Pol@Bone30</a>	<a href="#">Oth@Bone30</a>	<a href="#">Inpt@Bone30</a>	<a href="#">Unc@Bone30</a>	<a href="#">NoD@Bone30</a>
Breast (all)	<a href="#">DNase@Breast30</a>	<a href="#">Hist@Breast30</a>	<a href="#">Pol@Breast30</a>	<a href="#">Oth@Breast30</a>	<a href="#">Inpt@Breast30</a>	<a href="#">Unc@Breast30</a>	<a href="#">NoD@Breast30</a>
Cardiovascular (all)	<a href="#">DNase@CDV30</a>	<a href="#">Hist@CDV30</a>	<a href="#">Pol@CDV30</a>	<a href="#">Oth@CDV30</a>	<a href="#">Inpt@CDV30</a>	<a href="#">Unc@CDV30</a>	<a href="#">NoD@CDV30</a>
Digestive tract (all)	<a href="#">DNase@Dig30</a>	<a href="#">Hist@Dig30</a>	<a href="#">Pol@Dig30</a>	<a href="#">Oth@Dig30</a>	<a href="#">Inpt@Dig30</a>	<a href="#">Unc@Dig30</a>	<a href="#">NoD@Dig30</a>
Epidermis (all)	<a href="#">DNase@Epd30</a>	<a href="#">Hist@Epd30</a>	<a href="#">Pol@Epd30</a>	<a href="#">Oth@Epd30</a>	<a href="#">Inpt@Epd30</a>	<a href="#">Unc@Epd30</a>	<a href="#">NoD@Epd30</a>
Gonad (all)	<a href="#">DNase@Gon30</a>	<a href="#">Hist@Gon30</a>	<a href="#">Pol@Gon30</a>	<a href="#">Oth@Gon30</a>	<a href="#">Inpt@Gon30</a>	<a href="#">Unc@Gon30</a>	<a href="#">NoD@Gon30</a>
Kidney (all)	<a href="#">DNase@Kid30</a>	<a href="#">Hist@Kid30</a>	<a href="#">Pol@Kid30</a>	<a href="#">Oth@Kid30</a>	<a href="#">Inpt@Kid30</a>	<a href="#">Unc@Kid30</a>	<a href="#">NoD@Kid30</a>
Liver (all)	<a href="#">DNase@Liv30</a>	<a href="#">Hist@Liv30</a>	<a href="#">Pol@Liv30</a>	<a href="#">Oth@Liv30</a>	<a href="#">Inpt@Liv30</a>	<a href="#">Unc@Liv30</a>	<a href="#">NoD@Liv30</a>
Lung (all)	<a href="#">DNase@Lung30</a>	<a href="#">Hist@Lung30</a>	<a href="#">Pol@Lung30</a>	<a href="#">Oth@Lung30</a>	<a href="#">Inpt@Lung30</a>	<a href="#">Unc@Lung30</a>	<a href="#">NoD@Lung30</a>
Muscle (all)	<a href="#">DNase@Myo30</a>	<a href="#">Hist@Myo30</a>	<a href="#">Pol@Myo30</a>	<a href="#">Oth@Myo30</a>	<a href="#">Inpt@Myo30</a>	<a href="#">Unc@Myo30</a>	<a href="#">NoD@Myo30</a>
Neural (all)	<a href="#">DNase@Neu30</a>	<a href="#">Hist@Neu30</a>	<a href="#">Pol@Neu30</a>	<a href="#">Oth@Neu30</a>	<a href="#">Inpt@Neu30</a>	<a href="#">Unc@Neu30</a>	<a href="#">NoD@Neu30</a>
Pancreas (all)	<a href="#">DNase@Pan30</a>	<a href="#">Hist@Pan30</a>	<a href="#">Pol@Pan30</a>	<a href="#">Oth@Pan30</a>	<a href="#">Inpt@Pan30</a>	<a href="#">Unc@Pan30</a>	<a href="#">NoD@Pan30</a>
Placenta (all)	<a href="#">DNase@Pla30</a>	<a href="#">Hist@Pla30</a>	<a href="#">Pol@Pla30</a>	<a href="#">Oth@Pla30</a>	<a href="#">Inpt@Pla30</a>	<a href="#">Unc@Pla30</a>	<a href="#">NoD@Pla30</a>
Pluripotent stem cell (all)	<a href="#">DNase@Pva30</a>	<a href="#">Hist@Pva30</a>	<a href="#">Pol@Pva30</a>	<a href="#">Oth@Pva30</a>	<a href="#">Inpt@Pva30</a>	<a href="#">Unc@Pva30</a>	<a href="#">NoD@Pva30</a>
Prostate (all)	<a href="#">DNase@PSC30</a>	<a href="#">Hist@PSC30</a>	<a href="#">Pol@PSC30</a>	<a href="#">Oth@PSC30</a>	<a href="#">Inpt@PSC30</a>	<a href="#">Unc@PSC30</a>	<a href="#">NoD@PSC30</a>
Uterus (all)	<a href="#">DNase@Utr30</a>	<a href="#">Hist@Utr30</a>	<a href="#">Pol@Utr30</a>	<a href="#">Oth@Utr30</a>	<a href="#">Inpt@Utr30</a>	<a href="#">Unc@Utr30</a>	<a href="#">NoD@Utr30</a>
Others (all)	<a href="#">DNase@Oth30</a>	<a href="#">Hist@Oth30</a>	<a href="#">Pol@Oth30</a>	<a href="#">Oth@Oth30</a>	<a href="#">Inpt@Oth30</a>	<a href="#">Unc@Oth30</a>	<a href="#">NoD@Oth30</a>
Unclassified (all)	<a href="#">DNase@Unc30</a>	<a href="#">Hist@Unc30</a>	<a href="#">Pol@Unc30</a>	<a href="#">Oth@Unc30</a>	<a href="#">Inpt@Unc30</a>	<a href="#">Unc@Unc30</a>	<a href="#">NoD@Unc30</a>
No description (all)							<a href="#">NoD@NoD30</a>

図 4 ChIP Atlas との連携(左図は搭載データの一覧、右図は表示例)

- 第二期が開始された新学術領域「先進ゲノム支援」からもデータ産出が開始されている。これらについてマウス等モデル生物において、ヒトの病態関連解析、生物学的特性解析を指向したものについて、ヒトデータと関連付けて公開を開始することができた。格納データについては、データ産生者が本支援活動の公開ポリ

シーに従ってデータを一般公開する際に、それと連動させる形で公開している。これにより、現在、DDBJ (DRA)に配列のみが登録されている収集データの付加価値を高めようと試みている。現在までDBKEROから公開しているデータセットは以下の表1の通りである。

また、先進ゲノム支援関連データを模擬データに、メタデータについての RDF 化の枠組みの構築を試みた。こちらについては、データ形式の多様性から今年度中に作業を完了することができなかった。来年度以降の課題としたいと考えている。

表 1 ゲノム支援データの収載

Data contents	Data accession	Datatype(Datasets#)	Publication
NIH3T3		TSS-seq(1)	
Mouse embryo 7d			
Mouse embryo 11d		TSS-seq(4)	<a href="#">Wijaya et al., Genome Inform., 2009</a>
Mouse embryo 15d			
Mouse embryo 17d			
10T1/2 0h		TSS-seq(1)	
ATDC5 0h		TSS-seq(1)	
ChIP-seq Th1, TH2 anti-Chd4	DRA000928	ChIP-seq,(8)TSS-seq(3)	<a href="#">Hosokawa H. et al., Proc Natl Acad Sci USA., 2013</a>
TSS-seq Th1, Th2	DRA000928		
ChIP-seq Th1, TH2 Ab	GSE51079, SRP007894	ChIP-seq(2)	
ChIP-seq Th1, TH2 GATA3	GSE51079, SRP007894	ChIP-seq(3)	
ChIP-seq Th1, TH2	GSE51079, SRP007894	ChIP-seq(5)	
H3K27me3, H3K9ac, H3K4me3			<a href="#">Hosokawa H. et al., Proc Natl Acad Sci USA., 2013</a>
ChIP-seq 3xFlag-GATA3	DRA001102	ChIP-seq(2)	
RNA-seq Th1, Th2	DRA001102, DRA000928	RNA-seq(3)	
ChIP-seq Mouse Liver 1D4	DRA001050	ChIP-seq(20)	<a href="#">Yoshitane H. et al., Mol Cell Biol., 2014</a>
ChIP-seq Mouse Liver CLSP4	DRA001050	ChIP-seq(10)	
RNA-seq Mouse Liver	DRA001050	RNA-seq(8)	
micro RNA-seq Mouse Liver	DRA001050	miRNA(8)	
RNA-seq Bmap Ko Mouse Liver	DRA001278	RNA-seq(4)	
RNA-seq WT Mouse Liver	DRA001278	RNA-seq(4)	
ChIP-seq Th1, Th2 Ab	GSE51079	ChIP-seq(3)	<a href="#">Tumes DJ. et al., Immunity., 2013</a>
ChIP-seq Th1, Th2 Ezh2	GSE51079	ChIP-seq(3)	
Reg1[-/-] LPS stimulated	DRA003234	ChIP-seq(4)	<a href="#">Mino T. et al., Cell., 2015</a>
Roquin [San/San] LPS stimulated	DRA003234	ChIP-seq(4)	
TP3_wild_H3K27me3	DRA000485	ChIP-seq(2)	<a href="#">Tanaka S. et al., Blood., 2012</a>
TP3_KO_H3K27me3	DRA000486		
MLL_AF9_AML_Ezh2_WT_input	DRA000487	ChIP-seq(1)	
TP3_4_input	DRA000488	ChIP-seq(1)	
Tet2 KD	DRA000858	ChIP-seq(2)	
Ezh2 KD	DRA000858	ChIP-seq(2)	<a href="#">Muto T. et al., J Exp Med., 2013</a>
Tet2 Ezh2 KD	DRA000858	ChIP-seq(4)	
Blastocyst	DRA000484	ChIP-seq(1)	<a href="#">Kobayashi H. et al., PLoS Genet., 2012</a>
ESC	DRA000484	ChIP-seq(1)	
GV_oocyte_Dnmt3L	DRA000484	ChIP-seq(1)	
GV_oocyte_wild	DRA000484	ChIP-seq(1)	
Sperm	DRA000484	ChIP-seq(1)	
10.5 female PGC	DRA000607	ChIP-seq(1)	<a href="#">Kobayashi H. et al., Genome Res., 2013</a>
10.5 male PGC	DRA000607	ChIP-seq(1)	
13.5 female PGC	DRA000607	ChIP-seq(1)	
13.5 male PGC	DRA000607	ChIP-seq(1)	
16.5 female PGC	DRA000607	ChIP-seq(1)	
16.5 male PGC	DRA000607	ChIP-seq(1)	
16.5 female PGC	DRA000607	ChIP-seq(1)	
16.5 male PGC	DRA000607	ChIP-seq(1)	

•NBDC の TogoVar において BioBank Japan あるいは AMED の主導の下に集積された、いくつかの日本人ゲノム多型の大規模データが整備され公開が開始されている。これらについて、次年度以降、本データベースとの統合に向けて担当者との協議を開始した。

•大規模薬剤刺激オーミックデータについては、その第一期データの公開を完了した。これらについて、新規のブラウザを開発し、その公開を行った。第1期の公開は、申請者らが取得した肺腺がん細胞株パネルに対する 96 化合物刺激条件で取得された RNA Seq/ATAC Seq データセット合計 1 万セットよりなる。詳細を以下に示す。

また、富士フィルム、協和発酵キリンを初めてする製薬会社等への民間利用を促進すべく、社内秘匿情報に考慮した独自データサーバーを構築した。現在、上記メインデータベースのデータのミラーリングは完了しており、内部機微データの格納を行っている。次年度以降、これらをモデルケースに集積情報の民間活用への筋道を模索する。

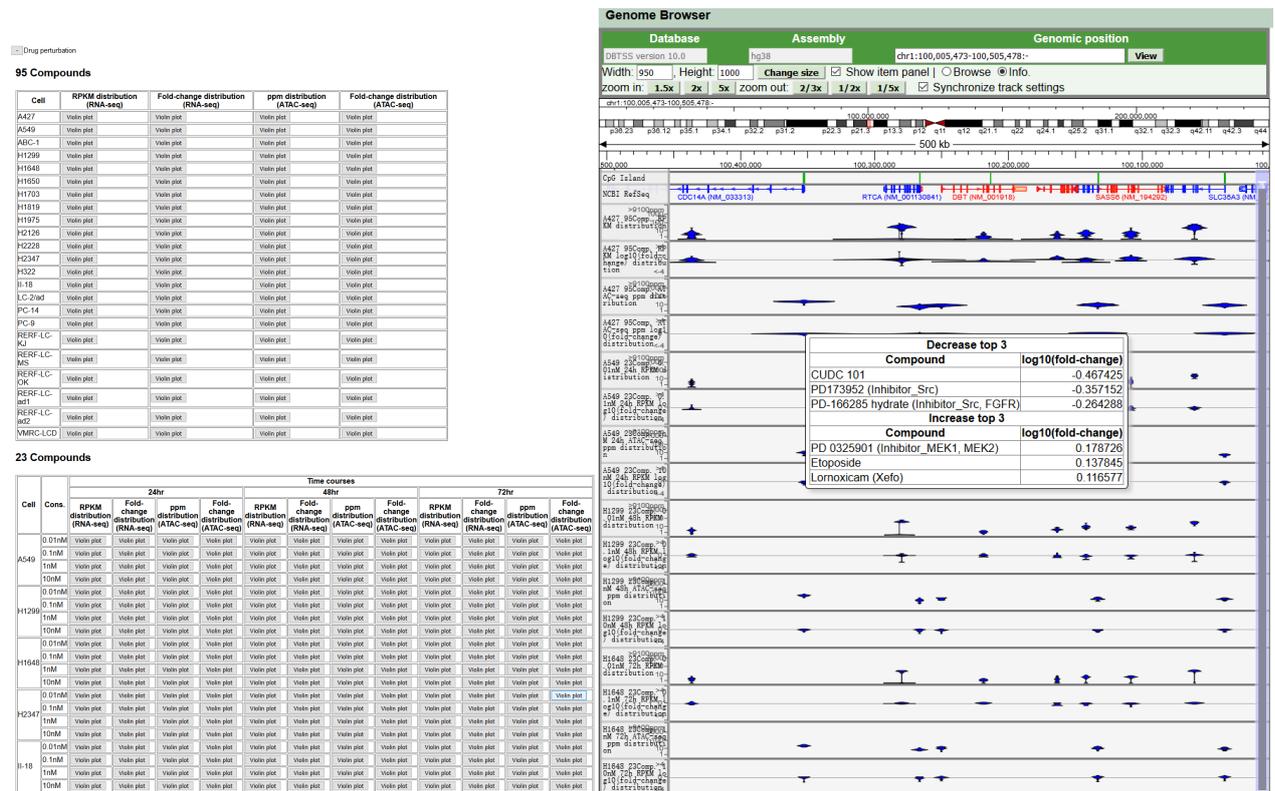


図 5 薬剤摂動データセットの公開 (左図は搭載データの一覧図、右図は表示例)

## §4. 成果発表等

### (1) 原著論文発表

#### ① 論文数概要

種別	国内外	件数
発行済論文	国内 (和文)	0 件
	国際 (欧文)	0 件
未発行論文 (accepted, in press 等)	国内 (和文)	0 件
	国際 (欧文)	0 件

#### ② 論文詳細情報

なし

### (2) その他の著作物(総説、書籍など)

1. 鹿島幸恵, 鈴木絢子, 関真秀, 鈴木穰、ゲノム医療における一細胞解析、実験医学増刊、36 巻、15 号、2626-2630 ページ、2018 年 9 月
2. 関真秀, 鈴木穰、シングルセル解析とナノポアシーケンス、医学のあゆみ、266 巻、5 号、327-334 ページ、2018 年 8 月

### (3) 国際学会および国内学会発表

#### ① 概要

種別	国内外	件数
招待講演	国内	2 件
	国際	3 件
口頭発表	国内	2 件
	国際	1 件
ポスター発表	国内	0 件
	国際	1 件

#### ② 招待講演

〈国内〉

1. 鈴木穰、「ロングリード解析とシングルセル解析」、日本内分泌学会、フェニックス・シーガイア・リゾート (宮崎)、4 月 26-28 日
2. 鈴木穰、「がん細胞株のシングルセル解析: 複数プラットフォーム間の横断解析」、大阪国際会議場 (大阪)、9 月 26 日

〈国際〉

1. Yutaka Suzuki, "Combinatory use of distinct single-cell RNA-seq analytical platforms reveals the heterogeneous transcriptome response", IUBMB SEOUL, COEX, Seoul, Korea, June 4-8, 2018
2. Yutaka Suzuki, "Single Cell Analysis—from Technical Evaluation to Clinical Application: Pipeline Construction and Data Analysis", 10X enomics UM, Matrix Building, Singapore, October 26, 2018
3. Yutaka Suzuki, "Single Cell and Long Read Sequencing of Cancer Cells", TBC/BIOINFO, Hotel Samjung, Seoul, 韓国, October 31 - November 2, 2018

#### ③ 口頭講演

〈国内〉

1. 菅野純夫、「疾患ヒトゲノム変異の生物学的機能注釈を目指した多階層オーミクスデータの統合」、トー

ゴーの日シンポジウム、日本科学未来館(東京)、2018年10月5日

2. Ayako Suzuki, Sarun Sereewattanawoot, Yutaka Suzuki, Katsuya Tsuchihara, "Multi-omics characterization of lung cancer cells based on gene co-expression modules, 日本癌学会、大阪国際会議場(大阪)、2018年9月27-29日

〈国際〉

1. Yutaka Suzuki "Phasing regulatory SNVs to their regulating transcript regions in cancers by using MinION", London Calling 2018, May 24-25, 2018, Old Billingsgate, London, UK, May 24, 2018

#### ④ ポスター発表

〈国内〉

なし

〈国際〉

1. Ayako Suzuki, Masahide Seki and Yutaka Suzuki, "Identification and Characterization of a new class of cancerous structural variations using PromethION", Advances in genome Biology and Technology (ABT) 2019 General Meeting, Marco Islands, FL, USA, February 27 - March 2, 2019

#### (4) 知的財産権の出願

なし

#### (5) 受賞・報道等

##### ① 受賞

なし

##### ② メディア報道

なし

##### ③ その他の成果発表

なし

### §5. 研究開発期間中に主催した活動(ワークショップ等)

#### 1. 進捗ミーティング

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2018年 8月30日	チーム内ミーティング(非公開)	東京大学柏キャンパス	5人	研究進捗報告のためのミーティング
2018年 11月22日	チーム内ミーティング(非公開)	東京大学柏キャンパス	5人	研究進捗報告のためのミーティング

#### 2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリーチ活動等

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
2018年 11月28日 -30日	日本分子生物学会 特別企画「使ってみよう バイオデータベース-つ ながるデータ、広がる世 界(BioDB)」	パシフィコ 横浜	30人	目的:データベースの一般への利用と 普及の促進 概要:DBの紹介
2018年 12月5日	統合データベース講習 会:AJACS名古屋2	愛知県がん センター 国際医学交 流センター	100人	目的:生命科学系のデータベースやツ ールの使い方を紹介する(初心者向け) 概要:DBKERO およびその他がんゲノム 解析関連データベースの紹介

以上

別紙1 既公開のデータベース・ウェブツール等

No.	正式名称	別称・略称	概要	URL	公開日	状態	分類	関連論文
1	ヒト疾患多層オミクスデータベース	DBKERO	本データベースはヒトゲノム多型・変異に生物学的機能注釈を与えるべく、ゲノム変異位置、近傍のエピゲノム（ヒストン修飾、DNAメチル化パターン）、トランスクリプトーム情報（発現量、スプライスパターン）をヒトゲノム情報に統合したものである。特に、培養細胞系あるいは生物種を超えてマウスをはじめとする動物モデル系から得られたオミクスデータに焦点を当てている。	<a href="http://kero.hgc.jp/">http://kero.hgc.jp/</a>	2015/7/9	維持・発展	データベース等	