

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)	疾患ゲノム多層オームクス機能注釈データベース (DBKERO) (https://kero.hgc.jp/)
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 (2020年3月時点)

□目次

§1. 研究実施体制.....	2	③ 口頭講演.....	15
§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.....	16
(1) データベース一覧.....	3	(4) 知的財産権の出願 (国内の出願件数のみ公開)	16
(2) ツール等一覧.....	3	(5) 受賞・報道等.....	16
§3. 実施内容.....	4	① 受賞.....	16
(1) 本年度の研究開発計画と達成目標.....	4	② メディア報道.....	16
(2) 進捗状況.....	9	③ その他の成果発表.....	16
§4. 成果発表等.....	15	§5. 研究開発期間中に主催した活動 (ワークショップ等)	17
(1) 原著論文発表.....	15	1. 進捗ミーティング.....	17
① 論文数概要.....	15	2. 主催したワークショップ、シンポジウム、アウトリー	17
② 論文詳細情報.....	15	チ活動等.....	17
(2) その他の著作物 (総説、書籍など).....	15		
(3) 国際学会および国内学会発表.....	15		
① 概要.....	15		
② 招待講演.....	15		



§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	http://kero.hgc.jp/

【その他のデータベース】

No.	名称	別称・略称	URL
1	BEACON SCAN	なし	http://dbtss.hgc.jp/cgi-bin/ucscBeacon/query
2	DBKERO RDF viewer	なし	http://kero.hgc.jp/rdf/
3	DBKERO RDF sparql endpoint	なし	http://kero.hgc.jp/rdfs/services/kero/sparql.htm
4			
5			

(2) ツール等一覧

No.	名称	別称・略称	URL
1			
2			
3			

§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

第2年次で CREST-IHEC 日本チームは全データ産出が完了し、その NBDC JGA データベースへの登録も完了した。第3年次では本データベースにおいても、全公開データについて収載を完了する。またブラウザ等での動作確認および種々の最終確認を行う。今回の Update をもって CREST-IHEC 関連データ収載の最終成果とする。ただし 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ことで継続的な Update を行う。各国担当者との連絡は維持し、新規のデータ統合について具体的な要請があった場合、その実務を担当する。

表 3-2 IHEC 最終確定データセット

チーム	器官	検体数	データセット数			
			BS-seq	RNA-seq	ChIP-seq	合計
金井班	肝臓	8	8	8	48	64
金井班	腸管	12	12	12	72	96
金井班	胃	16	14	16	33	63
白髭班	血管内皮	54	0	50	188	238
佐々木班	子宮内膜	42	42	30	108	180
合計		132	76	116	449	641

・HGVDDB についても、第2年次までに全データの移設が完了している。最終確定データは以下表 3-3 に示す通りである。第3年次にはこれらについて、全データが正しく表示、検索されるか最終確認を行う。また全データを収載したデータベースを公開して利用者の拡大に努める。

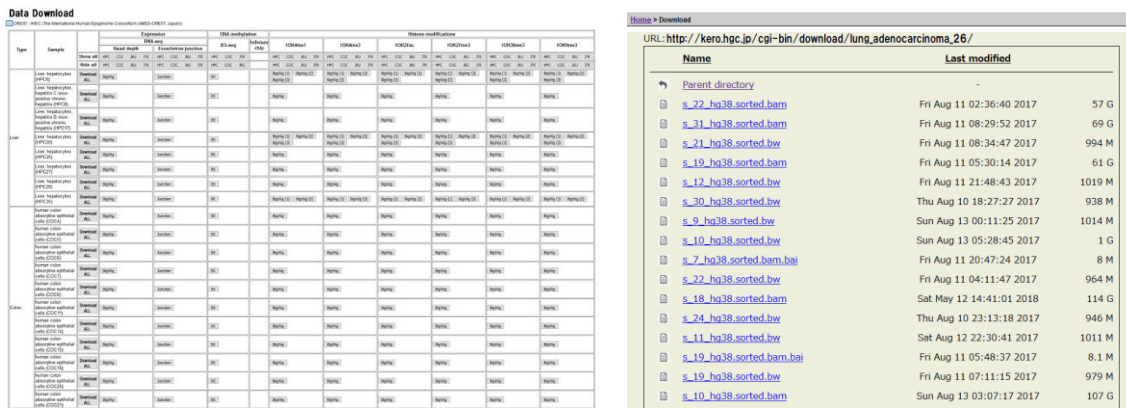
表 3-3 HGVDDB 最終確定データセット

疾患名	検体数	
	Case 数	Control 数
スティーブンソン症候群	117	691
アルツハイマー(study 1)	397	964
アルツハイマー(study 2)	752	752
気管支喘息	565	940
脳動脈瘤	288	194
子宮内膜症	696	825
胃がん	752	752
C型肝炎(study 1)	90	190
C型肝炎(study 2)	99	187
C型肝炎(study 3)	85	76
高血圧	752	752
ナルコレプシー	222	389
パニック障害	170	167
2型糖尿病	752	752
情動脱力発作を伴うナルコレプシー患者	409	1562
HLA-DQB1*06:02 陰性真性過眠症	125	562
日本人原発性胆汁性肝硬変	487	476

B型肝炎ウイルスキャリア、および、健常対照者	181	184
B型肝炎ウイルスキャリア、および、B型肝炎ウイルス排除群	181	185
B型肝炎ウイルス排除群、および、健常対照者	185	184
HLA 配列データ 1	7	
HLA 配列データ 2	10	
HLA 配列データ 3	1	

・CREST-IHEC、HGVDDB の全データ取載完了を受けて、データの提供の枠組みを整備する。データポータルを設置して、1次データについてはNBDC JGAデータベースへのリンクを、加工データについては独自に整備したデータセットを配布する枠組みを構築する。全体として、データポータル画面あるいはブラウザ表示画面から、簡便に目的とするデータをカテゴリーごと一括取得できるようなシステムを開発、実装するものである。開発イメージ図を図3-6に示す。

図3-6 DBKERO データポータルの構築イメージ

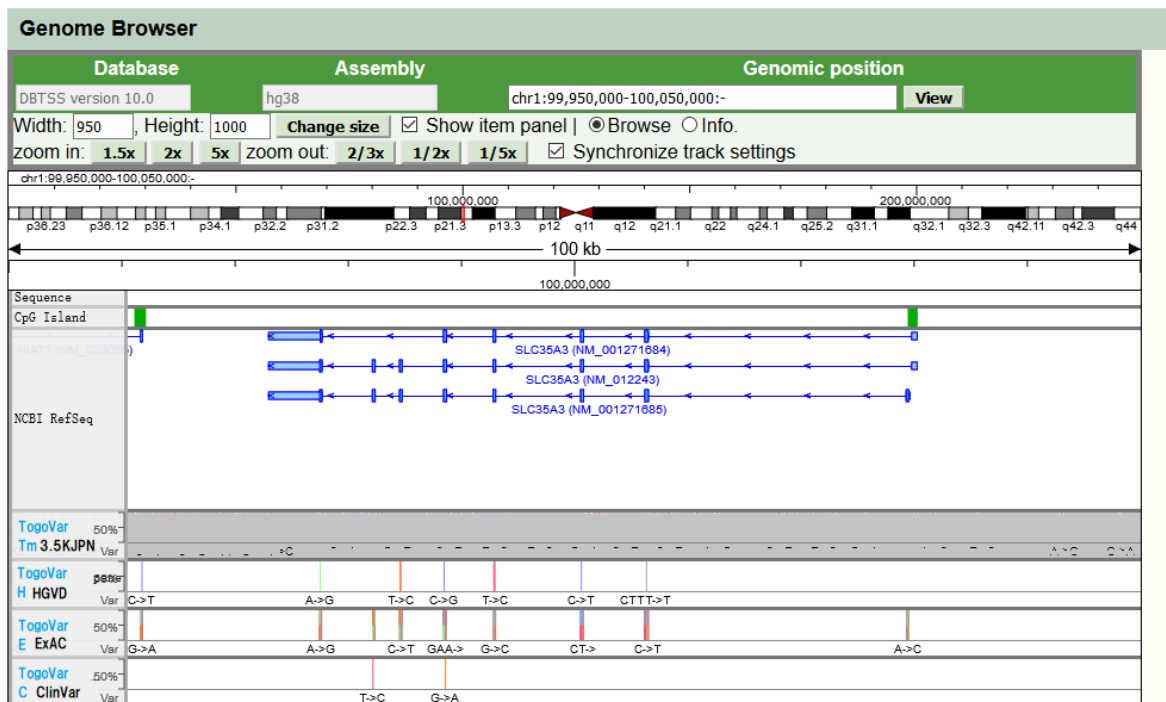


左図はデータの一括取得選択画面、右図はディレクトリ型ダウンロードサイトのイメージ

・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取載を進めるべく実務者協議を継続する。

・TogoVar DBにおいて公開されたBioBank Japan GWASデータおよびその他のJGAより一般公開された日本人ゲノム多型データについて、ブラウザを構築し、DBKEROに取載する(図3-7)。本データについては、該当する頻度情報について、本データベースでの2次利用が可能か、その利用条件について十分に協議したうえで進める。

図3-7 統合Varデータの取載イメージ



・先進ゲノム支援において、その研究期間終了時に論文発表が完了し、配列データが JGA・SRA より一般公開になったものは下表に示す通りである。またゲノム支援関連会議において、その公開協力を要請した。昨年度までに開発されたデータベースの枠組みを通じて、これらマウス等のモデル生物種多層オーミクスデータについて、データ生産者と協議して、本データベースからの公開を行う。過去の実績から下表の多くの支援案件について、実際の公開が可能となると考えている。

表 3-4 ゲノム支援公開予定データ

提供者 (敬称略)	課題名	データ種類	データ件数	Acc#
大島 正伸	大腸がん自然転移・再発モデルの開発による悪性化進展機構の研究	RNA-seq	36	DRA005647
田村 智彦	単核貪食細胞系の分化における遺伝子発現制御機構の包括的解明	ChIP-seq	2	PRJDB3411
久原 篤	線虫の ASJ 温度受容ニューロンおよび味覚受容ニューロンでの様々な温度刺激を与えた際の RNA-seq	RNA-seq	14	DRA004196
秋光 信佳, 山本 友子	エフェクターと宿主標的分子間相互作用を基軸としたサルモネラ感染分子機構の解明	RNA-seq	20 + 18	DRA003692, DRA003583
秋光信佳	長鎖ノンコーディングRNAによる自然免疫応答制御機構の解明	RNA-seq	12	DRA003694
小野 寺康之	ホウレンソウにおける性決定遺伝子コード候補領域の絞り込み	RNA-seq	2	DRA002981, DRA006107
後藤 由季子	神経幹細胞の分化運命を決める統合的メカニズムの解明	RNA-seq	6	GSE111916
鈴木 絢子	ナノポアシーケンサーによるがん細胞の変異検出およびフェーズ情	RNA-seq	7	JGA00000000066

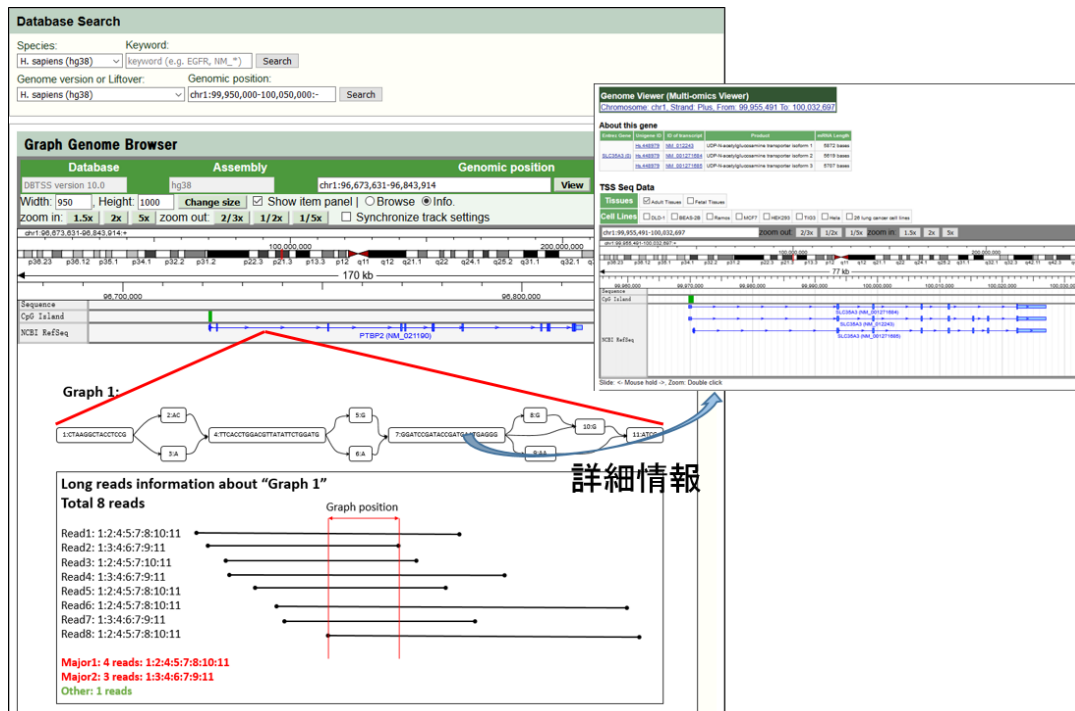
	報解析手法の確立			
久場 敬司	RNA 制御に基づいた心機能調節の分子機構解明と心不全治療応用	RNA-seq	6	GSE103629
鈴木 絢子	ナノポアシーケンサーによるがん細胞の変異検出およびフェーズ情報解析手法の確立	WGS, TSS, Exome	WGS:2, TSS:27, Exome:23	DRA005894, DRA005903 and DRA005921.
松下智直	花成を制御するフィトクロムBのシグナル伝達機構の解明	TSS-seq	7	DRA005891
三野 享史	Regnase-1 の作用機構から探る自然免疫応答における転写後調節の解明	RNA-seq	4	DRA003215
鈴木 絢子	ナノポアシーケンサーによるがん細胞の変異検出およびフェーズ情報解析手法の確立	Amplicon-seq	7	JGAS00000000065
藤田 敏次	in vitro enChIP 法の技術基盤の確立およびゲノム機能解析への応用	ChIP-seq	7	DRA005236.
藤田 敏次	in vitro enChIP 法の技術基盤の確立およびゲノム機能解析への応用	enChIP-seq	4	DRA004361
執行 正義	ネギ属バイオリソースを用いたオミクス統合解析のタマネギ育種への応用	RNA-seq	30	DRA003209
三野 享史	Regnase-1 の作用機構から探る自然免疫応答における転写後調節の解明	RNA-seq	4	DRA006236
岩間 厚志	遺伝子配列特異的エピジェネティク制御によるマウス腹内側核の機能的性差形成	RNA-seq, ChIP-seq, RRBS	RNA:4, ChIP:12, RRBS:6	DRA004191, DRA002605, DRA002147, DRA002148, DRA002149, DRA002150, DRA002151, DRA002152
岩間 厚志	遺伝子配列特異的エピジェネティク制御によるマウス腹内側核の機能的性差形成	ChIP-seq	17	DRA000858
黒柳 秀人	転写産物の高精細プロファイリングによる転写と転写後プロセッシングの共役機構の解明	RNA-seq	4	DRA000864, DRA002612

・がん細胞における薬剤応答多層オミクス摂動データ、シングルセルデータについて、論文発表が完了したものをから公開を行う。

・申請者の研究室を始め、多くの研究室でロングリードシーケンズデータの産出が本格化している。これらのロングリードデータについて、申請者ら自身が産出したデータを模擬データセットに、ブラウザの開発・更新を行う。実際、がんゲノム解析において、これまでの短鎖シーケンサーからは発見できなかったような構造多型が数多く見出されている。これらのロングリードデータの表示、検索には近年のグラフゲノム技術の活用が必須となる。関

係者とも協議して、この観点から現在のブラウザについて抜本的な改変を行う必要がある。開発されるブラウザのイメージを以下に示す。

図 3-8 ロングリードブラウザの開発イメージ



予算額の縮小に対応して、当初計画について項目ごとに優先順位をつけて実施する。上位の項目を達成し、その成果について評価委員の確認を得た後に順次、次項目へと着手するものとする。

(2)進捗状況

・IHEC-CREST データ

第2年次に収載した CREST-IHEC 日本チームのデータをアップデートし、48 検体、171 データセットを追加した。また、全データが正しく表示、検索されるかについて、ブラウザ等での動作確認および種々の最終確認を行った。今回の Update をもって CREST-IHEC 関連データ収載の最終成果とする。ただし 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ことで継続的な Update を行う。各国担当者との連絡は維持し、新規のデータ統合について具体的な要請があった場合、その実務を担当する。

表 4-1 IHEC 最終確定データセット

チーム	器官	検体数	データセット数			
			BS-seq	RNA-seq	ChIP-seq	合計
金井班	肝臓	8	8	8	48	64
金井班	腸管	12	12	12	72	96
金井班	胃	16	14	16	33	63
白髭班	血管内皮	54(+21)	0	50(+50)	188(+43)	238(+93)
佐々木班	子宮内膜	42(+27)	42(+29)	30(+30)	108(+19)	180(+78)
合計		132(+48)	76(+29)	116(+80)	449(+62)	641(+171)

※金井班の胃については非公開

※カッコ()内は3年次追加分

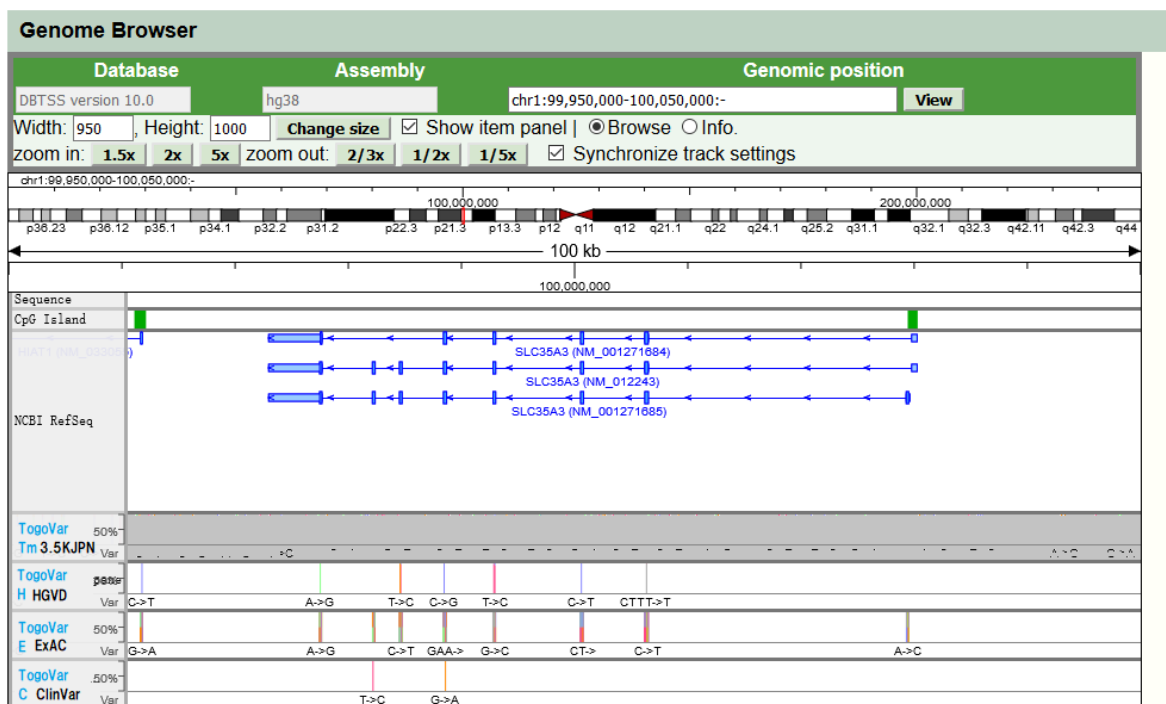
・HGVDDB についても、第2年次までに全データの移設が完了している。これらについて、全データが正しく表示、検索されるか最終確認を行った。また全データを収載したデータベースを公開して利用者の拡大に努めた。

・CREST-IHEC、HGVDDB の全データ収載完了を受けて、データの提供の枠組みの整備を行った。データポータルを設置して、1 次データについては NBDC JGA データベースへのリンクを、加工データについては独自に整備したデータセットを配布する枠組みを構築し、ブラウザ表示画面から、簡便に目的とするデータをカテゴリーごと一括取得ができるインターフェースを作成した。詳細は「ダウンロードポータルサイトの作成」に記載した。

・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るべく実務者協議を継続している。

・TogoVar DB において公開された BioBank Japan GWAS データおよびその他の JGA より一般公開された日本人ゲノム多型データについて、<https://togovar.biosciencedbc.jp/public/release/current/> から頻度情報のデータをダウンロードし、DBKERO に収載した(図 4-2)。本データについては、該当する頻度情報について、本データベースでの2次利用が可能か、その利用条件について十分に協議が必要なため、現在は非公開としている。

図 4-2 統合 Var データの収載イメージ



・先進ゲノム支援(科研費新学術領域)において、その研究期間終了時に論文発表が完了し、配列データがJGA・SRA より一般公開になったものは下表に示す通りである。また先進ゲノム支援関連会議において、その公開協力を要請した。昨年度までに開発されたデータベースの枠組みを通じて、これらマウス等のモデル生物種多層オーミクスデータについて、データ生産者と協議して、本データベースからの公開を行った。表 4-3 の支援案件について、データ公開を行った(https://kero.hgc.jp/data_portal)。

表 4-3 先進ゲノム支援公開予定データ

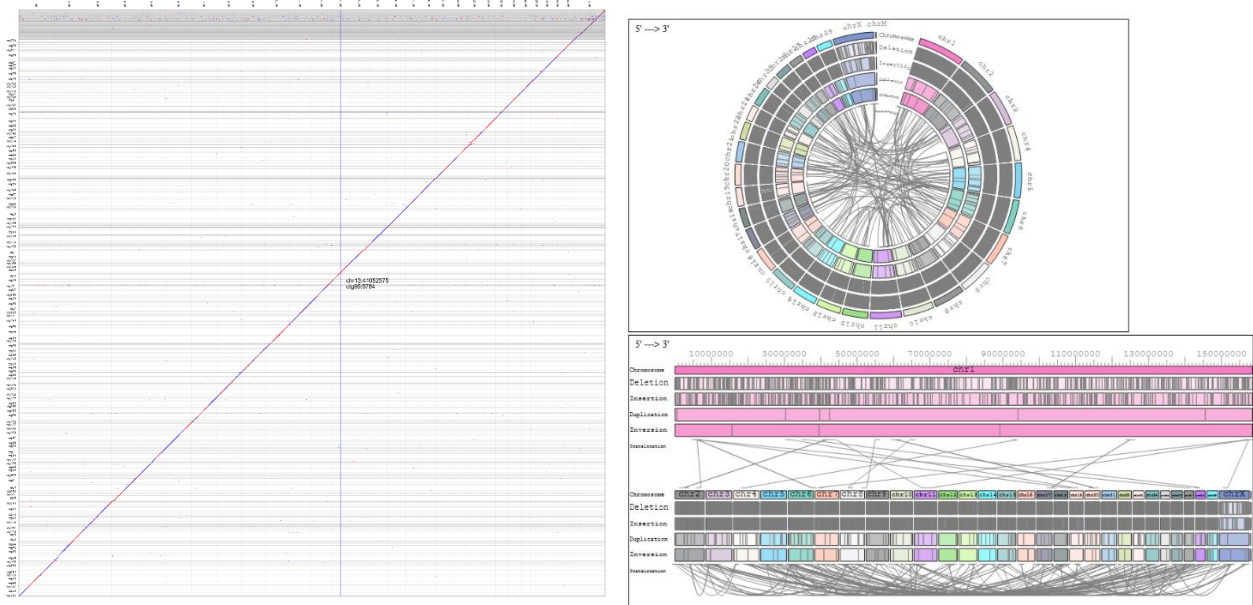
提供者 (敬称略)	課題名	データ種類	データ件数	Acc#
大島 正伸	大腸がん自然転移・再発モデルの開発による悪性化進展機構の研究	RNA-seq	36	DRA005647
田村 智彦	単核貪食細胞系の分化における遺伝子発現制御機構の包括的解明	ChIP-seq	2	PRJDB3411
久原 篤	線虫の ASJ 温度受容ニューロンおよび味覚受容ニューロンでの様々な温度刺激を与えた際の RNA-seq	RNA-seq	14	DRA004196
秋光 信佳, 山本友子	エフェクターと宿主標的分子間相互作用を基軸としたサルモネラ感染分子機構の解明	RNA-seq	20 + 18	DRA003692, DRA003583
秋光信佳	長鎖ノンコーディングRNAによる自然免疫応答制御機構の解明	RNA-seq	12	DRA003694
小野 寺康之	ホウレンソウにおける性決定遺伝子コード候補領域の絞り込み	RNA-seq	2	DRA002981, DRA006107
後藤 由季子	神経幹細胞の分化運命を決める統合的メカニズムの解明	RNA-seq	6	GSE111916
鈴木 絢子	ナノポアシーケンサーによるがん細胞の変異検出およびフェーズ情	RNA-seq	7	JGA00000000066

	報解析手法の確立			
久場 敬司	RNA 制御に基づいた心機能調節の分子機構解明と心不全治療応用	RNA-seq	6	GSE103629
鈴木 絢子	ナノポアシークエンサーによるがん細胞の変異検出およびフェーズ情報解析手法の確立	WGS, TSS, Exome	WGS:2, TSS:27, Exome:23	DRA005894, DRA005903 and DRA005921.
松下智直	花成を制御するフィトクロムBのシグナル伝達機構の解明	TSS-seq	7	DRA005891
三野 享史	Regnase-1 の作用機構から探る自然免疫応答における転写後調節の解明	RNA-seq	4	DRA003215
鈴木 絢子	ナノポアシークエンサーによるがん細胞の変異検出およびフェーズ情報解析手法の確立	Amplicon-seq	7	JGAS00000000065
藤田 敏次	in vitro enChIP 法の技術基盤の確立およびゲノム機能解析への応用	ChIP-seq	7	DRA005236.
藤田 敏次	in vitro enChIP 法の技術基盤の確立およびゲノム機能解析への応用	enChIP-seq	4	DRA004361
執行 正義	ネギ属バイオリソースを用いたオミクス統合解析のタマネギ育種への応用	RNA-seq	30	DRA003209
三野 享史	Regnase-1 の作用機構から探る自然免疫応答における転写後調節の解明	RNA-seq	4	DRA006236
岩間 厚志	遺伝子配列特異的エピジェネティク制御によるマウス腹内側核の機能的性差形成	RNA-seq, ChIP-seq, RRBS	RNA:4, ChIP:12, RRBS:6	DRA004191, DRA002605, DRA002147, DRA002148, DRA002149, DRA002150, DRA002151, DRA002152
岩間 厚志	遺伝子配列特異的エピジェネティク制御によるマウス腹内側核の機能的性差形成	ChIP-seq	17	DRA000858
黒柳 秀人	転写産物の高精細プロファイリングによる転写と転写後プロセッシングの共役機構の解明	RNA-seq	4	DRA000864, DRA002612

・がん細胞における薬剤応答多層オミクス摂動データ、シングルセルデータについて、論文発表が完了したものから公開を行った。

・研究代表者らの研究室を始め、多くの研究室でロングリードシーケンズデータの産出が本格化している。これらのロングリードデータについて、研究代表者ら自身が産出したデータを模擬データセットに、ブラウザの開発・更新を行った。実際、がんゲノム解析において、これまでの短鎖シーケンサーからは発見できなかったような構造多型が数多く見出されている。これらのデータを可視化するブラウザの開発を行っている (図 4-3)。

図 4-3 ロングリードブラウザのイメージ(左ドットプロット、右 CIRCOS 風構造変異ビューワ)



予算額の縮小に対応して、当初計画について項目ごりに優先順位をつけて実施している。上位の項目を達成し、その成果について評価委員の確認を得た後に順次、次項目へと着手する。

・ ダウンロードポータルサイトの作成

DBKERO に掲載されるデータの利活用を促進するために、データ取得の利便を図った。データポータルを作成し、簡便にかつ一括してRaw データを取得できる枠組みを構築した(https://kero.hgc.jp/tool/data_portal.html) (図 4-4)。

図 4-4 DBKERO データポータルサイト

Top > Data portal

DBKERO Data Portal

▼Project:
 IHEC (583)
 Single cell (1163)
 Nanopore (3)
 GWAS (14)
 Cancer Cell Line (478)
 Drug Perturbation (332)

▼Race:
 Japanese (1779)
 Worldwide (794)

▼Omics Category:
 Epigenome (747)
 Transcriptome (1679)
 Genome (147)

▼Reference Genome:
 hg38 (2573)

▼Data Category:
 IHEC (583)
 Lung adenocarcinoma 26 cell lines (1644)
 GWAS (14)
 Drug perturbation (332)

▼Assay:
 ChIP-Seq (639)

2573 Hits

Matrix

Project>>>

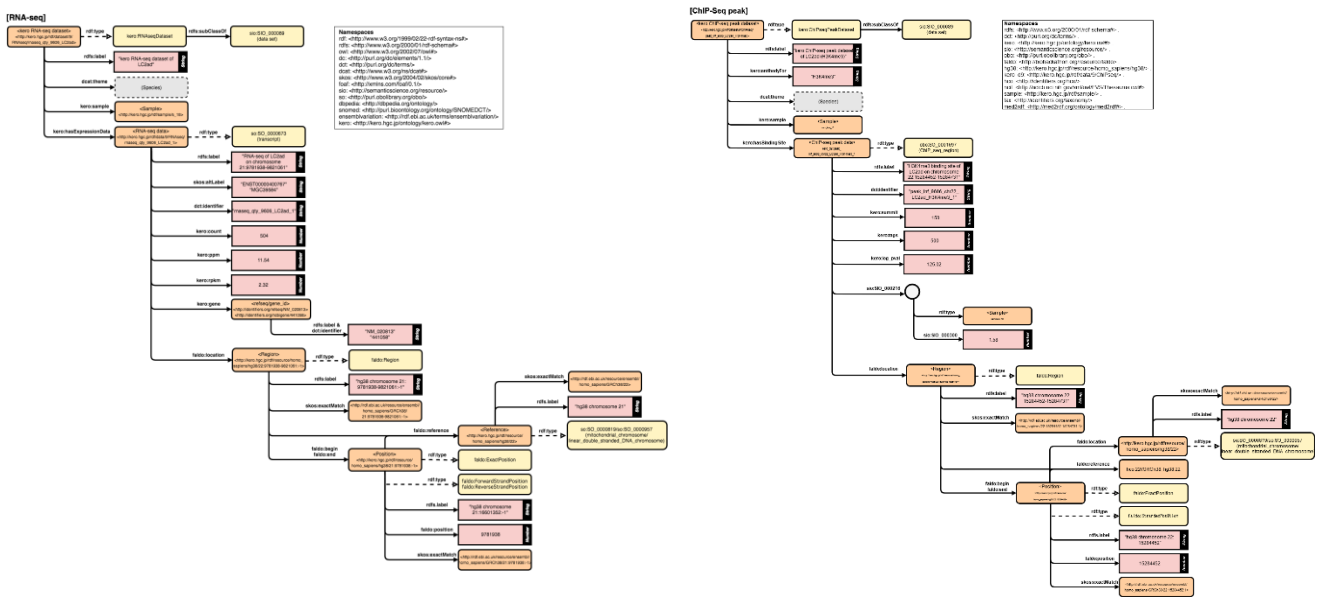
Assay>>>	IHEC	Single cell	Nanopore	GWAS	Cancer Cell Line	Drug Perturbation
Total	583	1163	3	14	478	332
ChIP-Seq	423	0	0	0	216	0
RNA-Seq	105	1163	0	0	53	226
BS-Seq	55	0	0	0	26	0
Resequencing	0	0	3	0	78	0
GWAS	0	0	0	14	0	0
ChromHMM	0	0	0	0	27	0
TSS-Seq	0	0	0	0	26	0
CNV	0	0	0	0	26	0
SV	0	0	0	0	26	0
ATAC-Seq	0	0	0	0	0	106

Total	106	639	1,547	81	81	27	26	26	26	14	2,573
-------	-----	-----	-------	----	----	----	----	----	----	----	-------

• **RDF 化の完了とNBDC RDF ポータルへの完全移行**

RDF 化について、肺腺癌 26 細胞種 ChIP-Seq ピーク情報の全データセットについて完了した。2019 年度までに設計が完了した RDF スキーマに則て、トランスクリプトーム、エピゲノムのデータを成形し、NBDC が運用する RDF ポータルを通じて公開を進めている。実験条件等についての詳細メタデータについても、RDF 化に向けて協議を進めている。関係者と協議し最終的に完成したトランスクリプトーム、エピゲノムのスキーマを図 4-5 に示す。第 4 年次は IHEC 日本担当分のデータの RDF 化を進める予定であるが、そのデータセット数を表 4-5 に示す。既に ChIP-Seq ピーク情報の一部のデータ(肝臓及び腸管)についてはトリプルストアへの投入を開始している。

図 4-5 RNA-seq 発現量(左)及び、ChIP-seq ピーク情報(右)のスキーマ図



§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）	1 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

1. Suzuki A, Onodera K, Matsui K, Seki M, Esumi H, Soga T, Sugano S, Kohno T, Suzuki Y, Tsuchihara K, "Characterization of cancer omics and drug perturbations in panels of lung cancer cells.", Scientific Reports, vol. 9, No. 1, Article number: 19529, 2019 (DOI: 10.1038/s41598-019-55692-9).

(2) その他の著作物(総説、書籍など)

該当なし

(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	1 件
	国際	2 件
口頭発表	国内	1 件
	国際	2 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、ゲノム解析技術の進展、共同利用・共同研究拠点「マルチオミックスによる遺伝子発現制御の先端的医学共同研究拠点」シンポジウム、横浜市立大学 福浦キャンパスへボンホール、2020/2/13

〈国際〉

1. Yutaka Suzuki, "Single Cell Analysis Reveals the Heterogeneity of Cancer Cells: Lessons from the Analyses of Adult T Cell Leukemia and Lung Cancer Cells", The 28th KOGO Annual Conference 2019, Sejong Convention Center, Seoul, Korea, September 4-6, 2019
2. Yutaka Suzuki, "Identification and characterization of a new class of cancerous structural variations using PromethION", Nanopore Tech Tour, Beijing, China, September 23, 2019

③ 口頭講演

〈国内〉

1. 鈴木 絢子, Sereewattanawoot Sarun, 土原一哉, 鈴木穰「トランスクリプトームモジュールによるがんの新規層別化」(口頭発表+ポスター) 第 42 回日本分子生物学会年会, 福岡国際会議場・マリンメッセ福岡

岡, 2019 年 12 月 3-6 日

〈国際〉

1. Suzuki A, Sakamoto Y, Suzuki Y. "Characterization of complicated structural variants with local copy-number changes in lung cancer genomes using PromethION". (selected flash talk + poster), Advances in Genome Biology and Technology (AGBT) 2020 General Meeting. 米・Marco Islands, February, 23-26, 2020
2. Suzuki A, Sakamoto Y, Suzuki Y. "Identification of a new class of structural aberrations in lung cancer genomes using a long read sequencer". (selected short talk), The 13th international Workshop on Advanced Genomics (13AGW), 東京・学術総合センター 一橋講堂, June 26-27, 2019

④ ポスター発表

〈国内〉

該当なし

〈国際〉

1. Yutaka Suzuki, "Integration of the Panel Sequencing and In-Depth Single Cell Analyses Reveals the Clonal Evolution of Adult T Cell Leukemia Cells", Advances in Genome Biology and Technology (AGBT) 2020 General Meeting, 米・Marco Islands, February 23-26, 2020

(4) 知的財産権の出願

該当なし

(5) 受賞・報道等

① 受賞

該当なし

② メディア報道

該当なし

③ その他の成果発表

該当なし

§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

2019年4月26日	チーム内ミーティング (非公開)	東京大学柏キャンパス	4人	進捗状況確認のためのミーティング
2019年5月29日	チーム内ミーティング (非公開)	東京大学柏キャンパス	4人	同上
2019年6月20日	チーム内ミーティング (非公開)	東京大学柏キャンパス	4人	同上
2019年7月26日	チーム内ミーティング (非公開)	東京大学柏キャンパス	4人	同上
2019年8月1日	チーム内ミーティング	国際医療センター(外山)	5人	投入データのデータ処理等についての打ち合わせ
2019年8月23日	チーム内ミーティング (非公開)	東京大学柏キャンパス	4人	同上
2019年9月25日	チーム内ミーティング (非公開)	東京大学柏キャンパス	4人	同上
2019年10月2日	チーム内ミーティング (非公開)	東京大学柏キャンパス	4人	同上
2019年12月20日	チーム内ミーティング	東京大学 柏キャンパス	3人	DBKEROの機能・ユーザインタフェース改良について打ち合わせ
2020年1月8日	チーム内ミーティング	東京大学 柏キャンパス	3人	DBKEROの機能・ユーザインタフェース改良について打ち合わせ
2020年1月23日、24日	SPARQLthon88にてRDF化に係わるスキーマ設計に関する打ち合わせ	DBCLS 柏ラボ	3人	ChIP-Seqピーク情報のRDF化に関する打ち合わせ。スキーマの設計について
2020年2月19日	RDF化に係わるスキーマ設計に関する打ち合わせ	DBCLS 柏ラボ	3人	上記に加え、抗原・抗体の表現方法について意見の取り交わし
2020年2月20日、21日	SPARQLthon89にてRDF化に係わるスキーマ設計に関する打ち合わせ	DBCLS 柏ラボ	3人	・ChIP-Seqピーク情報のRDF化に抗体・抗原についての表現方法について合意 ・IHECのRNA-Seq結果のRDF化について相談

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
2019年12月3日	第42回日本分子生物学会年会 フォーラム(チュートリアル企画)「生命科学のデータベース活用法2019」	福岡国際会議場	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
2019年12月	第42回日本分子生物学会	福岡国際会議場	30人	目的:データベースの一般への

年月日	名称	場所	参加人数	目的・概要
月 3-6 日	会年会 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)」	議場		の利用と普及の促進 概要:DB 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。	https://kero.hgc.jp/	2015/7/9	維持・発展	データベース等	Ayako Suzuki, Shin Kawano, Toutai Mitsuyama, Mikita Suyama, Yae Kanai, Katsuhiko Shirahige, Hiroyuki Sasaki, Katsushi Tokunaga, Katsuya Tsuchihara, Sumio Sugano, Kenta Nakai, Yutaka Suzuki. "DBTSS/DBKERO for integrated analysis of transcriptional regulation." <i>Nucleic Acids Res.</i> 2018 (Database issue).