

令和 4 年 6 月 2 日現在

機関番号：12601

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2017～2021

課題番号：17H06331

研究課題名（和文）エピゲノム・シングルセル大規模統合解析システムの構築

研究課題名（英文）Development of an integrated platform for analysis of epigenome and single-cell data

研究代表者

中戸 隆一郎（Nakato, Ryuichiro）

東京大学・定量生命科学研究所・講師

研究者番号：60583044

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 48,100,000円

研究成果の概要（和文）：本研究ではシングルセル・多細胞解析を含む大規模なデータを頑健かつ効率的に統合解析・可視化できるシステムの構築を目指し、新規手法開発を進めてきた。顕著な業績として、1）疎なシングルセルデータから頑健に遺伝子共発現ネットワークを推定する手法を開発し、がん幹細胞における新規の重要なマーカー候補遺伝子を同定した、2）1細胞解析のための統合解析プラットフォームを構築し、領域内外の解析支援による知見獲得に貢献した、3）大規模エピゲノム解析およびゲノム立体構造解析のための新規手法を開発したことが挙げられる。これらの知見をデータと共に論文化し、広く世界に公開した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

シングルセル解析は世界中で用いられている重要な手法であるが、技術的な限界から得られるデータは精度が限られてしまう。本研究で開発した遺伝子ネットワーク推定手法はそのような疎なデータにも精度良く適用可能であり、シングルセル解析の有用性を更に高めるものである。また、本研究で構築した解析パイプラインにより、情報学が専門でない生命系研究者にとってのシングルセル解析のハードルを大きく低減し、領域内外の研究を推進することができた。共同研究で得たフィードバックをもとにパイプラインを更に改良し、世界的に競争が激しいシングルセル分野の最先端を反映した解析環境を提供している。

研究成果の概要（英文）：This study aims to develop a robust system that enables the integrated analysis and visualization of large-scale data including single-cell and bulk assays and to contribute to identifying novel biological insights in the collaboration with other groups. We have developed 1) a robust method for detecting and comparing communities in gene co-expression networks constructed from single-cell transcriptome data, which could detect novel candidate marker genes of cancer stem cells, 2) a comprehensive and user-friendly platform for single-cell analysis and contribution to the biological analysis of other groups, and 3) a strategy and tools for large-scale bulk epigenome analysis and genome conformation analysis. The resources and developed tools have been published and publicly available.

研究分野：生命情報学

キーワード：シングルセル解析 立体構造解析 次世代シーケンサー データ駆動型解析

1. 研究開始当初の背景

生体組織内のゲノム情報(遺伝子発現量など)を1細胞レベルで読み取り、同一組織内に含まれる形態学的な不均一性を観測するシングルセル解析が近年急速に発展してきた。シングルセル解析では個々の細胞の特徴量に基づくクラスタリングによって部分細胞群(サブグループ、細胞種に相当)を抽出し、新規サブグループの同定や、サブグループ特異的に発現している発現変動遺伝子群の抽出を可能とする。また、既知の分化マーカー遺伝子を利用した各細胞の分化度に基づく疑似時系列解析(軌道解析)による細胞分化系譜の解析も近年発展してきている。一方で、技術的な制約からデータ感度の限られているシングルセルデータの高感度化、サブグループ間の相互作用の推定、腫瘍における幹細胞のように全体に占める割合の小さい希少な(1%未満など)サブグループの抽出、遺伝子ネットワーク解析を用いた相互作用遺伝子群(遺伝子モジュール)の抽出、複数サンプル間でのデータ比較解析など、困難な課題が多く残されている。

2. 研究の目的

本研究では、シングルセル解析・多細胞解析を含めた複数アッセイのデータセットを対象に、頑健かつ効率的に統合解析・可視化できるシステムを構築する。特に、低感度なデータの高感度化による希少なサブグループの抽出、シングルセルデータからの遺伝子相互作用ネットワーク構築による遺伝子モジュールの同定、サブグループ間の相互作用をモデル化する手法を確立する(図1)。構築したシステムを用いて本領域で実施される多彩なシングルセルデータを解析し、新規の重要な知見獲得に貢献する。

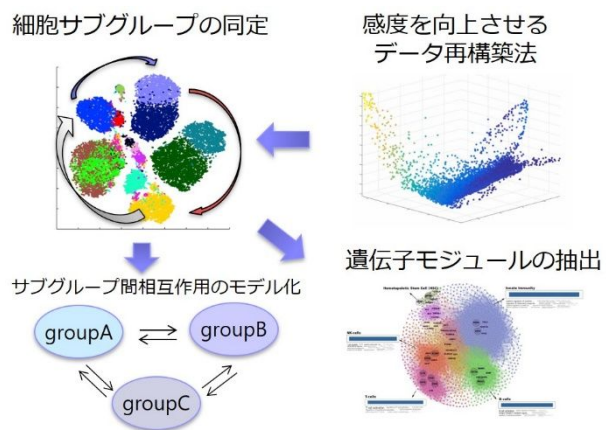


図1：本研究で対象とする解析の例

3. 研究の方法

本領域の秋山班によって生成されたヒト腫瘍組織細胞のシングルセル遺伝子発現量(scRNA-seq)データを特に対象とした実験を行う。患者検体から取得された腫瘍組織に対するscRNA-seqデータに対し、データの感度を向上させるデータ再構築法(Data imputation)を適用し、希少な割合存在すると想定される幹細胞群の同定を試みる。また、秋山班によって樹立された膠芽腫幹細胞系から得られたscRNA-seqデータに対して遺伝子ネットワーク解析を行い、新規のがん幹細胞マーカー遺伝子の探索、細胞サブグループ間相互作用の手法を確立する。発展著しいシングルセル解析分野における最新の手法をサーベイし、ベストプラクティスとなる解析ワークフローを策定したうえで、それを実装したパイプラインを開発し、領域内外に公開し、シングルセル解析を支援する。また本領域では生命系・情報系・物理系・数理系など異分野が密に連携した融合研究を創発することが重要であることから、若手研究者発の融合研究創発のため、学会でのワークショップ開催や若手ワークショップなどのイベントにも力を入れる。

4. 研究成果

- (1) scRNA-seq データ感度は限られており、ばらつきが多い「疎」なデータとなるため、重要遺伝子の同定に用いられる遺伝子共発現ネットワーク推定の従来手法をそのまま適用することは困難である。本研究ではそのような疎な scRNA-seq データに対して頑健に遺伝子共発現ネットワークを構築・比較する新規手法 "EEISP"を開発した。本手法では、得られた細胞サブグループ特異的に発現している遺伝子群を、遺伝子共発現度に基づくスコア(CDI)、排他的発現度に基づく新規スコア(EEI)によって網羅的に同定することが可能である(図2)。本手法を本領域・秋山班によって樹立されたヒト膠芽腫

幹細胞データに適用し、血清刺激前後において共発現・排他発現パターンが変動する遺伝子群をネットワーク解析を用いて網羅的に同定することで、従来では見つけれなかった新規の膠芽腫幹細胞マーカー遺伝子候補を複数同定した(Nakajima et al. 2021)。本手法は GitHub にて公開されており (<https://github.com/nakatolab/EEISP>)、既に本手法を活用した論文が出版されるなど(Khoury-Farah et al. 2022)、注目を集めている。

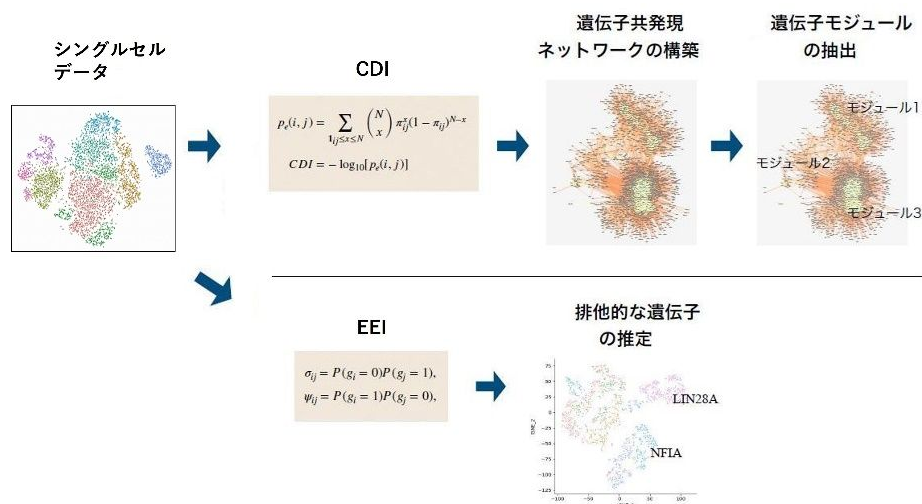


図1：EEISPの概要。シングルセルデータを入力に、共発現パターンをもとにした遺伝子ネットワークの構築（CDI、上）排他的発現を示す遺伝子ペアの同定を行う（EEI、下）。

(2) データのばらつきが大きいシングルセル解析では細胞間の生物学的な差異が実験誤差にしばしば埋もれてしまうため、生体細胞・腫瘍内の希少な細胞サブグループ（生体幹細胞など）をクラスタとして同定することは難しいと考えられた。そこで、入力データの感度を高めるデータ補完（Data imputation）の適用可能性について検討した。データ補完では、発現パターンのよく似た細胞間で情報を相互に補完することにより、個々の細胞内で観測されていない遺伝子発現量を推定することができる(Hou et al. 2020)。10細胞種からなる末梢血単核球データを用いた我々の実験では、データ補完によって細胞クラスタリングがより細分化され、希少な細胞集団を同定できることが確認された（図3）。さらに、秋山班によって生成された卵巣がん検体組織データに対してデータ補完を適用した結果、これまで得られなかった新たなサブクラスタが同定され、より詳細な細胞不均一性を観測することができた。一方で、データ補完で得られる結果は与えるパラメータによって大きく異なり、解析の再現性に課題が残ることも判明した。以上から、我々の解析パイプラインではあくまでオプションとしての提供にとどめている。

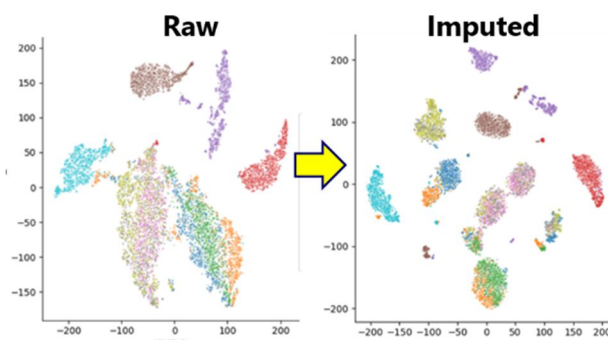


図3：細胞クラスタリングの比較。元データ（左）と比べて Imputation 後（右）の方がより細分化されたクラスタを得られている。

(3) シングルセル解析は発展著しい分野であり、毎日のように新規手法が提案されるため、個々の研究者がサーベイし最先端についていくことは事実上困難である。また、解析非専門家である生命系研究者にとっては多数のツールをインストールする作業は大きな負担となる。この問題を克服するため、我々のグループは多数の既存手法を網羅的にサーベイし、その中で特に有用であり優れたツール群をインストールした解析環境プラットフォームを Docker イメージとして構築・公開した (https://hub.docker.com/r/rnakato/singlecell_jupyter)。Docker は解析環境そのものを

「イメージ」として Web 上に公開することができる。ユーザは自分の PC (クラウドも可) にこの Docker イメージをダウンロードして用いることで、多くの研究者にとって大きな障壁となるツールインストールのコストを大幅に削減できる (図 4)。更に、ユーザ間で全く同一の環境を利用可能になることから、研究者間でのトラブルシューティングや解析ノウハウの共有も容易になる。Docker を用いた仮想化環境はウェブブラウザ型のパイプラインに比べてバージョン管理や更新・機能拡張が容易であり、進歩の速度が極めて速いシングルセル解析分野に適していると言える。本イメージは scRNA-seq に加えて scATAC-seq にも対応している他、深層学習に必須である GPU 演算にも対応し、利便性を高めている。目標としていた細胞サブグループ間相互作用についても、CellPhoneDB や CellChat などの最新のツールを使うことで良好な結果を得た。さらに、インストールされているツール群の利用法をわかりやすく説明するため、本イメージを利用するための解析初心者用チュートリアルサイトを一般公開している (<https://singlecellanalysis.tutorial.readthedocs.io/en/latest/>)。本プラットフォームについて和文総説を発表したほか (中戸 2021)、学会での口頭発表などを通じて、構築したプラットフォームの宣伝・普及に努めている。

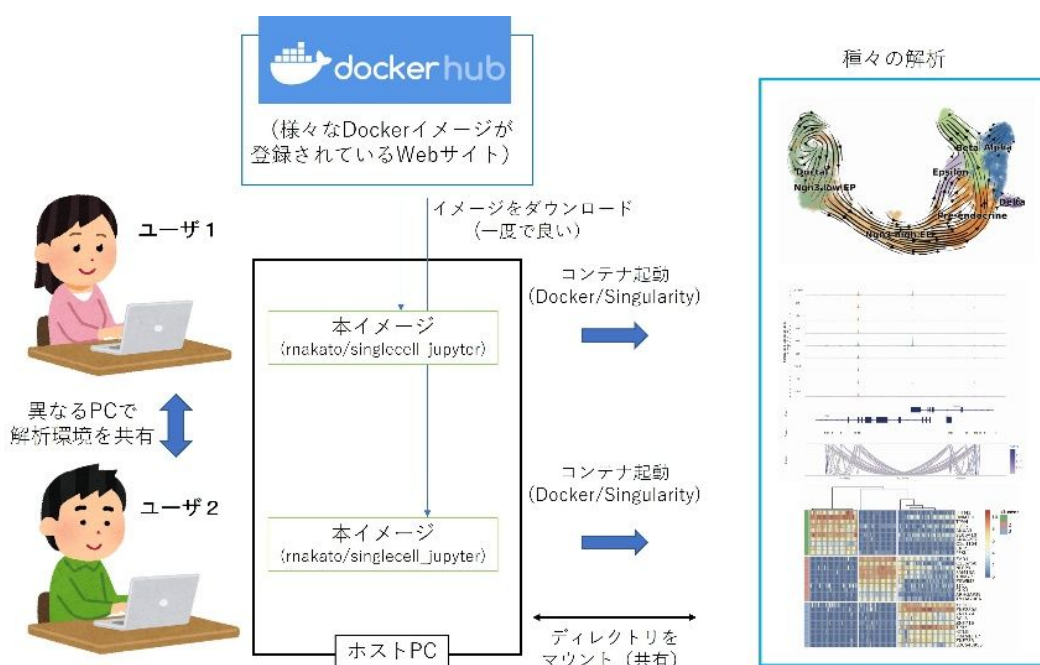


図 4 : Docker によるシングルセル解析プラットフォームのイメージ図。公開した Docker イメージをダウンロードすることで異なるユーザ間で環境を統一することができる。

- (4) 我々独自のシングルセル解析プロジェクトとして、マウス肝臓類洞細胞の線維化・回復プロセスを対象にした 3 万 4 千細胞から成る大規模なシングルセル時系列データを取得し、解析を行った。その結果、肝臓の線維化から回復期にかけて大きくする部分細胞群を同定した。さらに、CellChat を用いた細胞間相互作用解析により、回復期において強く相互作用するマーカー遺伝子候補を同定した。現在この遺伝子について検証実験を行っている (論文準備中)。
- (5) 多細胞エピゲノム解析の面では、ヒト検体から得た心臓・肺など 9 つの部位の血管内皮細胞を対象に取得された大規模なエピゲノムデータ・遺伝子発現データを対象に網羅的な大規模ゲノム解析を行い、血管内皮細胞特異的なプロモーター・エンハンサー領域、それに関連するクロマチンループ構造などを多数同定した。さらなる解析により、血管内皮の性質は上半身と下半身で大きく分かれること、その多様性には特に遺伝子の転写制御に働くホメオボックス遺伝子群が強く寄与していること、これらの遺伝子群の発現制御にはゲノムの立体構造の変化が関わっていることなどが明らかとなった (Nakato et al. 2019)。

(6) 本領域の目標の一つである「分野横断的な研究」を若手主体で推進させるという目標のもと、日本分子生物学会年会にて2018年度～2021年度まで計4回ワークショップを開催した(領域後援による、うち3回は中戸主宰)。本ワークショップでは1細胞解析、組織透明化、画像解析、時系列数理モデリングなどの専門家が集合し、異分野融合のためのアイデアについて討論を行った。また、2019年10月には1細胞解析技術講習会を主宰し、2020年2月には本領域主催の若手ワークショップの世話役を務めるなど、分野融合研究創発に向けて活発なアイデア交換を行う場を積極的に提供している。

<引用文献>

- Hou W, Ji Z, Ji H, Hicks SC. 2020. A systematic evaluation of single-cell RNA-sequencing imputation methods. *Genome Biol* **21**: 218.
- Khouri-Farah N, Guo Q, Morgan K, Shin J, Li JYH. 2022. Integrated single-cell transcriptomic and epigenetic study of cell state transition and lineage commitment in embryonic mouse cerebellum. *Sci Adv* **8**: eabl9156.
- Nakajima N, Hayashi T, Fujiki K, Shirahige K, Akiyama T, Akutsu T, Nakato R. 2021. Codependency and mutual exclusivity for gene community detection from sparse single-cell transcriptome data. *Nucleic Acids Res* **49**: e104.
- Nakato R, Wada Y, Nakaki R, Nagae G, Katou Y, Tsutsumi S, Nakajima N, Fukuhara H, Iguchi A, Kohro T et al. 2019. Comprehensive epigenome characterization reveals diverse transcriptional regulation across human vascular endothelial cells. *Epigenetics Chromatin* **12**: 77.
- 中戸. 2021. Docker プラットフォームを用いたシングルセル解析支援. 羊土社「実験医学」 **39**: 1993-1999.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計16件（うち査読付論文 14件 / うち国際共著 5件 / うちオープンアクセス 13件）

1. 著者名 Kawabata Ayako, Hayashi Tomoatsu, Akasu-Nagayoshi Yoko, Yamada Ai, Shimizu Naomi, Yokota Naoko, Nakato Ryuichiro, Shirahige Katsuhiko, Okamoto Aikou, Akiyama Tetsu	4. 巻 44
2. 論文標題 CRISPR/Cas9 Screening for Identification of Genes Required for the Growth of Ovarian Clear Cell Carcinoma Cells	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Current Issues in Molecular Biology	6. 最初と最後の頁 1587 ~ 1596
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/cimb44040108	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Akasu Nagayoshi Yoko, Hayashi Tomoatsu, Kawabata Ayako, Shimizu Naomi, Yamada Ai, Yokota Naoko, Nakato Ryuichiro, Shirahige Katsuhiko, Okamoto Aikou, Akiyama Tetsu	4. 巻 -
2. 論文標題 PHOSPHATE exporter XPR1/SLC53A1 is required for the tumorigenicity of epithelial ovarian cancer	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Cancer Science	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/cas.15358	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Cona Brandon, Hayashi Tomoatsu, Yamada Ai, Shimizu Naomi, Yokota Naoko, Nakato Ryuichiro, Shirahige Katsuhiko, Akiyama Tetsu	4. 巻 12
2. 論文標題 The splicing factor DHX38/PRP16 is required for ovarian clear cell carcinoma tumorigenesis, as revealed by a CRISPR Cas9 screen	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 FEBS Open Bio	6. 最初と最後の頁 582 ~ 593
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/2211-5463.13358	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Kouji Yuta, Himeno Misao, Mori Yusuke, Nakano Yasuhiro, Saijou Eiko, Tanimizu Naoki, Kamiya Yoshiko, Anzai Hiroko, Maeda Natsuki, Wang Luyao, Yamada Tadanori, Sakai Yasuyuki, Nakato Ryuichiro, Miyajima Atsushi, Kido Taketomo	4. 巻 16
2. 論文標題 Development of human iPSC-derived quiescent hepatic stellate cell-like cells for drug discovery and in vitro disease modeling	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Stem Cell Reports	6. 最初と最後の頁 3050 ~ 3063
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.stemcr.2021.11.002	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Wang Jiankang, Nakato Ryuichiro	4. 巻 23
2. 論文標題 HiC1Dmetrics: framework to extract various one-dimensional features from chromosome structure data	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Briefings in Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bib/bbab509	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Nakajima N, Hayashi T, Fujiki K, Shirahige K, Akiyama T, Akutsu T, Nakato R.	4. 巻 -
2. 論文標題 Codependency and mutual exclusivity for gene community detection from sparse single-cell transcriptome data	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 bioRxiv	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1101/2021.03.15.435370	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Jeppsson K, Sakata T, Nakato R, Milanova S, Shirahige K, Bjoerkegren C.	4. 巻 -
2. 論文標題 Transcription and replication organize cohesin-dependent chromosome loops	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 bioRxiv	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1101/2020.12.16.423068	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Shinkai S, Onami S, Nakato R.	4. 巻 18
2. 論文標題 Toward understanding the dynamic state of 3D genome	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Computational and Structural Biotechnology Journal	6. 最初と最後の頁 2259-2269
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.csbj.2020.08.014	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Tanaka S, Ise W, Inoue T, Ito A, Ono C, Shima Y, Sakakibara S, Nakayama M, Fujii K, Miura I, Sharif J, Koseki H, Koni P.A., Raman I, Li Q, Kubo M, Fujiki K, Nakato R, Shirahige K, Araki H, Miura F, Ito T, Kawakami E, Baba Y, Kurosaki T.	4. 巻 21
2. 論文標題 Tet2 and Tet3 in B cells are required to repress CD86 and prevent autoimmunity	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nature Immunology	6. 最初と最後の頁 950-961
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41590-020-0700-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Seong KH, Ly NH, Katou Y, Yokota N, Nakato R, Murakami S, Hirayama A, Fukuda S, Kang S, Soga T, Shirahige K, Ishii S.	4. 巻 3
2. 論文標題 Paternal restraint stress affects offspring metabolism via ATF-2 dependent mechanisms in <i>Drosophila melanogaster</i> germ cells	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Communications Biology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s42003-020-0992-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Ryuichiro Nakato, Toyonori Sakata	4. 巻 Epub ahead of print
2. 論文標題 Methods for ChIP-seq analysis: A practical workflow and advanced applications	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Methods	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ymeth.2020.03.005	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Soya Shinkai, Masaki Nakagawa, Takeshi Sugawara, Yuichi Togashi, Hiroshi Ochiai, Ryuichiro Nakato, Yuichi Taniguchi, Shuichi Onami	4. 巻 2
2. 論文標題 PHi-C: deciphering Hi-C data into polymer dynamics	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 NAR Genomics and Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nargab/lqaa020	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Ryuichiro Nakato, Youichiro Wada, (他34名)	4. 巻 12
2. 論文標題 Comprehensive epigenome characterization reveals diverse transcriptional regulation across human vascular endothelial cells	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Epigenetics & Chromatin	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s13072-019-0319-0	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Fiordaliso SK, Iwata-Otsubo A, Ritter AL, Quesnel-Vallieres M, Fujiki K, Nishi E, Hancarova M, Miyake N, Morton JEV, Lee S, Hackmann K, Bando M, Masuda K, Nakato R, (他23名)	4. 巻 105
2. 論文標題 Missense Mutations in NKAP Cause a Disorder of Transcriptional Regulation Characterized by Marfanoid Habitus and Cognitive Impairment	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 The American Journal of Human Genetics	6. 最初と最後の頁 987-995
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ajhg.2019.09.009	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Yoshihiro Kawasaki, Masaya Miyamoto, Takeaki Oda, Kosuke Matsumura, Lumi Negishi, Ryuichiro Nakato, Sakiko Suda, Naoko Yokota, Katsuhiko Shirahige, Tetsu Akiyama	4. 巻 20
2. 論文標題 The novel lncRNA CALIC upregulates AXL to promote colon cancer metastasis	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 EMBO Reports	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.15252/embr.201847052	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Nakato Ryuichiro, Shirahige Katsuhiko	4. 巻 34
2. 論文標題 Sensitive and robust assessment of ChIP-seq read distribution using a strand-shift profile	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 2356 ~ 2363
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioinformatics/bty137	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計12件（うち招待講演 3件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 Saijou E, Nakato R
2. 発表標題 Integrative study of hepatic fibrosis resolution mechanisms using single-cell RNA sequencing
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Nagai H, Nagai E, Nakato R, Nakajima Y
2. 発表標題 Nutrient-dependent dedifferentiation of Drosophila enteroendocrine cells dissected by single cell analyses
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 中戸 隆一郎
2. 発表標題 シングルセル発現量データを用いた遺伝子共発現ネットワークの構築と比較
3. 学会等名 大阪大学医学系研究科第2回バイオインフォマティクスセミナー（招待講演）
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Nakajima N, Hayashi T, Fujiki K, Shirahige K, Akiyama T, Akutsu T, Nakato R
2. 発表標題 Codependency and mutual exclusivity for gene community detection from sparse single-cell transcriptome data
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Nakajima N., Hayashi T., Akiyama T., Akutsu T. and Nakato R
2. 発表標題 Identifying mutually exclusive gene sets from sparse scRNA-seq data
3. 学会等名 第43回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 中戸 隆一郎
2. 発表標題 Large-scale analysis of multi-omics data toward the elucidation of epigenomic diversity
3. 学会等名 第2回 ASHBi数理生物研究集会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 中戸 隆一郎
2. 発表標題 群雄割拠のシングルセル情報解析：現状把握とその先
3. 学会等名 第9回生命医薬情報学連合大会 (IIBMP2020) (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 中戸 隆一郎
2. 発表標題 シングルセル解析のための情報解析技術の現状と展望
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会, ワークショップ「細胞社会ダイバーシティの統合的解明と制御に挑む1細胞・1分子計測の数理科学」 (兼オーガナイザー)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Nakato R
2. 発表標題 Integrated analysis of gene expression and chromatin folding regulated by cohesin, cohesin loader and CTCF
3. 学会等名 第13回国際ゲノム会議（国際学会）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 中戸隆一郎
2. 発表標題 シングルセルRNA-seqのためのデータ高感度化及び数理モデリング手法の開発
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 仲嶋なつ, 林寛敦, 藤木克則, 秋山徹, 白髭克彦, 中戸隆一郎
2. 発表標題 シングルセルデータから得られた遺伝子共発現ネットワークの比較解析
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 仲嶋なつ, 中戸隆一郎
2. 発表標題 Comparative analysis of gene co-expression networks of Glioblastoma
3. 学会等名 日本バイオインフォマティクス学会年会
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計4件

1. 著者名 中戸 隆一郎	4. 発行年 2021年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 6
3. 書名 Dockerプラットフォームを用いたシングルセル解析支援	

1. 著者名 中戸 隆一郎	4. 発行年 2020年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 6
3. 書名 探索型解析によるクロマチンNGSデータ分析のコツ	

1. 著者名 仲嶋 なつ, 阿久津 達也, 中戸隆一郎	4. 発行年 2020年
2. 出版社 ニュー・サイエンス社	5. 総ページ数 2
3. 書名 シングルセルデータを用いた共発現遺伝子ネットワークと排他的発現遺伝子の推定手法	

1. 著者名 中戸 隆一郎	4. 発行年 2019年
2. 出版社 羊土社	5. 総ページ数 6
3. 書名 シングルセルRNA-seq情報解析最前線	

〔産業財産権〕

〔その他〕

1細胞解析パイプラインDockerイメージ
https://hub.docker.com/r/rnakato/singlecell_jupyter
1細胞解析技術講習会資料
<https://singlecellanalysisistutorial.readthedocs.io/en/latest/>
ヒト血管内皮エピゲノムデータベース
<https://rnakato.github.io/HumanEndothelialEpigenome/>

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
--	---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------