

令和 5 年 6 月 15 日現在

機関番号：32689

研究種目：挑戦的研究（萌芽）

研究期間：2017～2022

課題番号：17K20032

研究課題名（和文）RNA-クロマチン相互作用予測と応用

研究課題名（英文）RNA-chromatin interaction prediction and application

研究代表者

浜田 道昭（Hamada, Michiaki）

早稲田大学・理工学術院・教授

研究者番号：00596538

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 4,900,000円

研究成果の概要（和文）：我々は、様々な生物種において、Rループ形成に関連する異なる反復要素を発見した。サテライト、LINE、DNAトランスポゾンがそれぞれ、ヒト、ショウジョウバエ、シロイヌナズナでRループに特異的に濃縮されていることが確認された。また、R-loopは、種を超えて、低複雑度または単純な繰り返しの領域で生じる傾向があった。Rループの形成に関連する繰り返し要素は、発生段階によって異なることがわかった。例えば、LINEやロングターミナルリピートレトロトランスポゾン（LTR）は、胚ではRループを含みやすく、発生後のS2細胞では低複雑度や単純な繰り返しであることが判明した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

RNAとクロマチンの相互作用のひとつであるRループ構造と従来はジャンクだと考えられていたリピート要素との関連性を、バイオインフォマティクスのアプローチにより包括的に解析を行った。Rループは疾患などのさまざまな生命現象に深く寄与していることが考えられるため、われわれの研究結果は今までわかっていなかった生命分子メカニズムの解明に寄与することが期待される。

研究成果の概要（英文）：We found different repetitive elements associated with R-loop formation in different species. Satellites, LINEs, and DNA transposons were found to be specifically enriched in R-loops in human, Drosophila, and Arabidopsis, respectively. R-loops tended to occur in regions of low complexity or simple repeats across species, and the repeat elements associated with R-loop formation were found to vary by developmental stage. For example, LINE and long terminal repeat retrotransposons (LTRs) were found to be more likely to contain R-loops in embryos and low complexity or simple repeats in postdevelopmental S2 cells.

研究分野：バイオインフォマティクス

キーワード：ノンコーディングRNA IncRNA R-loop 分子間相互作用 リピート要素

1 . 研究開始当初の背景

近年注目されている長鎖ノンコーディング RNA (以下, lncRNA) とクロマチン(ゲノム DNA とヒストンタンパク質から構成)の間の相互作用が, X 染色体の不活化や免疫応答等の生命システムを制御しているだけでなく, 神経芽細胞種をはじめとする癌の制御メカニズムと関連していることが報告されている. 驚くべきことに, ヒトにおいては, タンパク質コード遺伝子数の約 20,000 をはるかに超える 50,000 種類にもおよぶ lncRNA が存在していることが知られているが, これらの lncRNA のうちで機能が明らかにされているものは数%にも満たない. したがって, lncRNA の機能をクロマチンとの相互作用との観点から明らかにすることが重要となる.

2 . 研究の目的

R ループ (R-loop) は, DNA:RNA ハイブリッドと一本鎖 DNA (ssDNA) から構成される 3 本鎖構造であり, RNA-クロマチン相互作用の 1 つである. 当初, R ループは転写の副産物として稀にしか存在しないと考えられていたが, 最近の報告では, R ループは真核生物のゲノムに広く分布し, 遺伝子制御やゲノムの完全性に関与していることが示唆されている. R-loop は様々な分子機構を通じて遺伝子発現を制御している. 例えば, プロモーター領域では, R-loop はメチル化を減少させたり, ポリコームが介在する遺伝子サイレンシングを増強することで遺伝子転写を促進したり抑制したりする. また, 最近の報告では, RNA ポリメラーゼ II によるリボソーム遺伝子の発現を, 他の RNA ポリメラーゼによる転写の競合から R ループが保護することが示されている. ターミネーター領域では, R-ループは RNA ポリメラーゼのストールを誘導し, 転写終結の効率を向上させることができる. 同時に, これらの R-ループは, 新生 RNA の切断と 3' 転写物の分解を促進する. ゲノムの完全性に関して, R-ループはゲノムのダイナミクスとテロメアの安定性に影響を与えることがある. セントロメリック領域では, R ループはクロマチン凝縮や染色体分離を促進し, ゲノムの安定性を維持することが報告されている. テロメア領域では, テロメアリピート含有 RNA (TERRA) が短いテロメアに優先的に蓄積し, テロメアを修復する R ループを形成する. さらに, R ループに関連した疾患 (神経疾患や癌など) の報告や研究が増えており, R ループ構造の生物学を深く理解することが重要である.

3 . 研究の方法

本研究では, R-loop 形成における繰り返し要素の効果に着目した. R ループと対照群に含まれる繰り返し要素の頻度を比較することで, R ループ形成に関連する繰り返しクラスまたはファミリーを導出する. この目的のために, ゲノム中の均一な分布, 特定の長さでゲノム分布, 共転写形成に対応する 3 つのコントロール群を別途用意した. 例えば, ショウジョウバエの R ループの 60% 以上は転写領域と重なっていないことがわかった (3 番目のコントロールは好ましくないことを示唆する). また, 様々な生物種において, R ループ形成に関連する異なる繰り返し要素が観察された. 前述の第 2 コントロールに基づき, ヒト, ショウジョウバエ, シロイヌナズナにおいて, サテライト, LINE, DNA トランスポゾンがそれぞれ R ループに富んでいることを発見した. さらに, これら 3 つの生物種において, R-loop は主に低複雑度または単純な繰り返しの領域で見つかった. また, 興味深いことに, R ループの形成に関連する繰り返し要素は, 生物の発生段階によって異なることがわかった. ミバエの場合, 胚では LINE や LTR が R ループを含みやすく, S2 細胞では R ループが低複雑度や単純反復の領域でより多く見られるよう変化していた. 反復要素と R ループ形成の関連性を包括的に解析したのは, 我々の知る限り, これが初めてである. 本研究により, 繰り返し配列の潜在的な機能についての理解が深まり, R ループ形成の基礎となる生物学的メカニズムについての理解が深まることが期待される.

4 . 研究成果

我々は, 様々な生物種において, R ループ形成に関連する異なる反復要素を発見した. 長さでゲノム分布を適切にコントロールすることで, サテライト, LINE, DNA トランスポゾンがそれぞれ, ヒト, ミバエ, シロイヌナズナで R ループに特異的に濃縮されていることが確認された. また, R-loop は, 種を超えて, 低複雑度または単純な繰り返しの領域で生じる傾向があった. また, R ループの形成に関連する繰り返し要素は, 発生段階によって異なることがわかった. 例えば, LINE やロングターミナルリピートレトロトランスポゾン (LTR) は, 胚では R ループを含みやすく, 発生後の S2 細胞では低複雑度や単純な繰り返しであることが判明した. この結果は, 反復性エレメントが R ループ形成に種特異的あるいは発生特異的な制御効果を持つ可能性を示しています. この研究により, 繰り返し要素と R ループの生物学的な理解が深まった.

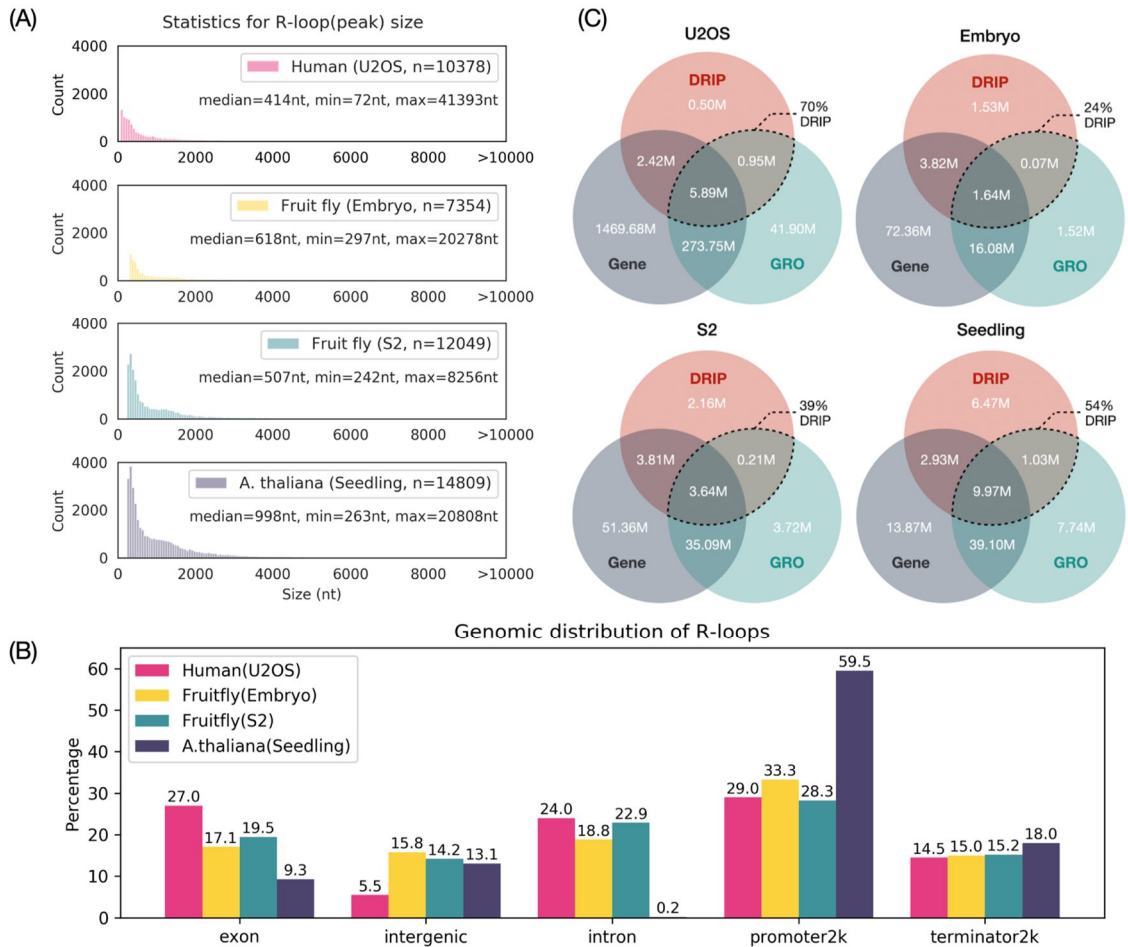


図: 異なるデータセットにおける R-ループの特徴の分布。(A) R-loop のサイズと (B) ゲノム分布。R-loop は、あるゲノム領域と 1 塩基以上重なっている場合に、その領域からのものとみなす。R-loop が複数のゲノム領域と重なる場合は、優先順位 (promoter2k > terminator2k > exon > intron > intergenic) に従って割り当てた。promoter2k: 遺伝子の上流 2000nt 以内, terminator2k: 遺伝子の下流 2000nt 以内, intergenic: 遺伝子, promoter2k, terminator2k を除く領域。(C) R-loop, 転写領域, 遺伝子の塩基レベルでのベン図。R-loop と転写領域はそれぞれ DRIP-seq (赤) と GRO-seq (緑) によって定義された。遺伝子領域 (灰色) は、遺伝子アノテーションに基づいて抽出した。破線で示した領域は、R-loop と転写領域の重なりを示す。パーセンテージは、転写領域に由来する R-loop の割合を示す。M: 百万塩基 (図引用: Zeng, Onoguchi & Hamada, *Mobile DNA*, 12(3), 2021)

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計17件（うち査読付論文 17件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 Yamada Keisuke, Hamada Michiaki	4. 巻 2
2. 論文標題 Prediction of RNA-protein interactions using a nucleotide language model	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Bioinformatics Advances	6. 最初と最後の頁 n/a
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioadv/vbac023	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 Okabe Mako, Takarada Shinya, Miyao Nariaki, Nakaoka Hideyuki, Ibuki Keijiro, Ozawa Sayaka, Watanabe Kazuhiro, Tsuji Harue, Hashimoto Ikuo, Hatasaki Kiyoshi, Hayakawa Shotaro, Hamaguchi Yu, Hamada Michiaki, Ichida Fukiko, Hirono Keiichi	4. 巻 n/a
2. 論文標題 GOS2 regulates innate immunity in Kawasaki disease via lncRNA HSD11B1-AS1	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Pediatric Research	6. 最初と最後の頁 n/a
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41390-022-01999-9	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 Mukherjee Sanjukta, Murata Asako, Ishida Ryoga, Sugai Ayako, Dohno Chikara, Hamada Michiaki, Krishna Sudhir, Nakatani Kazuhiko	4. 巻 27
2. 論文標題 HT-SELEX-based identification of binding pre-miRNA hairpin-motif for small molecules	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Molecular Therapy - Nucleic Acids	6. 最初と最後の頁 165 ~ 174
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.omtn.2021.11.021	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 Zhao Shitao, Hamada Michiaki	4. 巻 22
2. 論文標題 Multi-resBind: a residual network-based multi-label classifier for in vivo RNA binding prediction and preference visualization	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 BMC Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 554
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12859-021-04430-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 -

1. 著者名 Hamaguchi Yu, Zeng Chao, Hamada Michiaki	4. 巻 22
2. 論文標題 Impact of human gene annotations on RNA-seq differential expression analysis	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 BMC Genomics	6. 最初と最後の頁 730
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12864-021-08038-7	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 Matsutani Taro, Hamada Michiaki	4. 巻 3
2. 論文標題 Clone decomposition based on mutation signatures provides novel insights into mutational processes	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 NAR Genomics and Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 lqab093,
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nargab/lqab093	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 Onoguchi Masahiro, Zeng Chao, Matsumaru Ayako, Hamada Michiaki	4. 巻 3
2. 論文標題 Binding patterns of RNA-binding proteins to repeat-derived RNA sequences reveal putative functional RNA elements	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 NAR Genomics and Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 lqab055
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nargab/lqab055	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 Hosoda Shion, Fukunaga Tsukasa, Hamada Michiaki	4. 巻 37
2. 論文標題 Umibato: estimation of time-varying microbial interaction using continuous-time regression hidden Markov model	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 i16 ~ i24
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioinformatics/btab287	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 Takahashi Satoshi, Noro Rintaro, Seike Masahiro, Zeng Chao, Matsumoto Masaru, Yoshikawa Akiko, Nakamichi Shinji, Sugano Teppei, Hirao Mariko, Matsuda Kuniko, Hamada Michiaki, Gemma Akihiko	4. 巻 22
2. 論文標題 Long Non-Coding RNA CRNDE Is Involved in Resistance to EGFR Tyrosine Kinase Inhibitor in EGFR-Mutant Lung Cancer via eIF4A3/MUC1/EGFR Signaling	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 International Journal of Molecular Sciences	6. 最初と最後の頁 4005 ~ 4005
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/ijms22084005	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 Saber Morteza M., Karimiavargani Marziyeh, Uzawa Takanori, Hettiarachchi Nilmini, Hamada Michiaki, Ito Yoshihiro, Saitou Naruya	4. 巻 96
2. 論文標題 Possible roles for the hominoid-specific DSCR4 gene in human cells	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Genes & Genetic Systems	6. 最初と最後の頁 1 ~ 11
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1266/ggs.20-00012	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 Iuchi Hitoshi, Hamada Michiaki	4. 巻 3
2. 論文標題 Jonckheere?Terpstra?Kendall-based non-parametric analysis of temporal differential gene expression	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 NAR Genomics and Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 lqab021
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/nargab/lqab021	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 Zhang Yiqian, Hamada Michiaki	4. 巻 12
2. 論文標題 Identification of m6A-Associated RNA Binding Proteins Using an Integrative Computational Framework	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Frontiers in Genetics	6. 最初と最後の頁 625797
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fgene.2021.625797	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 Zeng Chao, Onoguchi Masahiro, Hamada Michiaki	4. 巻 12
2. 論文標題 Association analysis of repetitive elements and R-loop formation across species	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Mobile DNA	6. 最初と最後の頁 3
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s13100-021-00231-5	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 Zeng Chao, Hamada Michiaki	4. 巻 N/A
2. 論文標題 Detection and Characterization of Ribosome-Associated Long Noncoding RNAs	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Method in Molecular Biology	6. 最初と最後の頁 179 ~ 194
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-1-0716-1158-6_11	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 Zeng Chao, Onoguchi Masahiro, Hamada Michiaki	4. 巻 12
2. 論文標題 Association analysis of repetitive elements and R-loop formation across species	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Mobile DNA	6. 最初と最後の頁 3
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s13100-021-00231-5	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 Tsukasa Fukunaga, Junichi Iwakiri, Yukiteru Ono and Michiaki Hamada	4. 巻 -
2. 論文標題 LncRRsearch: a web server for lncRNA-RNA interaction prediction integrated with tissue-specific expression and subcellular localization data	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Front. Genet.	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) 10.3389/fgene.2019.00462	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 Fukunaga Tsukasa, Hamada Michiaki	4. 巻 -
2. 論文標題 Computational approaches for alternative and transient secondary structures of ribonucleic acids	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Briefings in Functional Genomics	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/bfpg/ely042	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 -

〔学会発表〕 計44件 (うち招待講演 5件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 Atsushi Takeda(早大/CBBD-OIL), Yuta Imazu(東大), Daisuke Nonaka(東大), Tsukasa Fukunaga(早大), Michiaki Hamada(早大/CBBD-OIL)
2. 発表標題 De novo repeat detection using inexact seed
3. 学会等名 Tokyo Bioinformatics Meeting 第5回研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Kotaro Sekine(早大), Masahiro Onoguchi(早大/CBBD-OIL), Michiaki Hamada(早大/CBBD-OIL)
2. 発表標題 The function of transposons as cell-type specific gene regulatory regions in the adult mouse brain
3. 学会等名 Tokyo Bioinformatics Meeting 第5回研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Kento Kubo(早大), Tsukasa Fukunaga(早大), Michiaki Hamada(早大/CBBD-OIL)
2. 発表標題 A novel fast pipeline for RNA homology search considering secondary structure
3. 学会等名 Tokyo Bioinformatics Meeting 第5回研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 YOKOYAMA Gentaro(早大), HOSODA Shion(早大/CBBD-01L), FUKUNAGA Tsukasa(早大), HAMADA Michiaki(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 Estimation of Stability of State transition of Human gut microbiota using Hidden Markov Model
3. 学会等名 Tokyo Bioinformatics Meeting 第5回研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Akiya MICHISHITA(早大), Shunsuke SUMI(早大/京大) Natsuki IWANO(早大), Michiaki HAMADA(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 二次構造情報を考慮したアプタマー生成モデル
3. 学会等名 Tokyo Bioinformatics Meeting 第5回研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Kanami Yagimoto(早大), Shion HOSODA(早大/CBBD-01L), Michiaki HAMADA(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 Classification of antibiotic resistance mechanisms considering the interaction of distal sequences
3. 学会等名 Tokyo Bioinformatics Meeting 第5回研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Shiina NAITO(早大), Taro Matsutani(早大/CBBD-01L), Michiaki HAMADA(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 The analysis of mutational signatures for understanding carcinogenesis considering temporal heterogeneity
3. 学会等名 Tokyo Bioinformatics Meeting 第5回研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 大里直樹(早大)、浜田 道昭(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 ヒトのエンハンサーと遺伝子相互作用や転写制御に影響する、方向性のある転写因子DNA結合配列の解析法の開発
3. 学会等名 第67回バイオ情報学研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 大里直樹(早大)、浜田 道昭(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 深層学習の予測結果に寄与する因子の大規模な解析に伴うノイズの影響の低減
3. 学会等名 第24回情報論的学習理論ワークショップ
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 大里直樹(早大)、浜田 道昭(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 深層学習を用いた、ヒトのエンハンサー・遺伝子相互作用に影響する転写因子の解析
3. 学会等名 「データ駆動・AI駆動を中心としたデジタルトランスフォーメーションによる生命科学研究の革新[バイオDX]」 キックオフシンポジウム 「バイオDXの最前線」
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 大里直樹(早大)、浜田 道昭(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 ヒトのエンハンサーと遺伝子相互作用や転写制御に影響する、方向性のある転写因子DNA結合配列の解析法の開発
3. 学会等名 第68回バイオ情報学研究会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 大里直樹(早大)、浜田 道昭(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 ヒトのエンハンサーと遺伝子相互作用や転写制御に影響する、方向性のある転写因子DNA結合配列の解析法の開発
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 浜田 道昭(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 RNA情報学の最前線
3. 学会等名 生命情報科学勉強会(招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 浜田 道昭(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 AIアプタマー創薬プロジェクト
3. 学会等名 日本医科大学・早稲田大学合同シンポジウム(招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 浜田 道昭(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 ゲノム社会とバイオインフォマティクス
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)(招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 浜田 道昭(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 AIアプタマー創薬「アプタマー研究の最前線」
3. 学会等名 分子生物学会ワークショップ1PWS1-09 (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 吉次なぎ(TIRI/早大)、浜口 悠(早大)、曾超(早大/CBBD-01L)、浜田道昭(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 レファレンスフリーな発現変動解析ツールの比較
3. 学会等名 RNAフロンティアミーティング
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Chao Zeng(早大/CBBD-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 Searching for Repeat-derived Functional Elements in RNAs
3. 学会等名 第22回日本RNA学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Keisuke Yamada(早大), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 Prediction of RNA-Protein Interactions Using a Nucleotide Language Model
3. 学会等名 第22回日本RNA学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名	Miyako Ishihara(早大), Kotaro Sekine(早大), Masahiro Onoguchi(早大/CBBD-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題	Relationship between abnormal retrotransposition and development of schizophrenia in neurons
3. 学会等名	第44回日本神経科学大会・CJK第1回国際会議
4. 発表年	2021年

1. 発表者名	Kotaro Sekine(早大), Masahiro Onoguchi(早大/CBBD-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題	The function of transposons as regulatory DNA elements in excitatory neurons
3. 学会等名	第44回日本神経科学大会・CJK第1回国際会議
4. 発表年	2021年

1. 発表者名	Yu Hamaguchi(早大), Chao Zeng(早大/CBBD-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題	ヒト遺伝子アノテーションがRNA-seq解析に与える影響の評価
3. 学会等名	第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年	2021年

1. 発表者名	Hitoshi Iuchi(早大/CBBD-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L), Tsukasa Fukunaga(早大)
2. 発表標題	E.coli K-12 MG1655株の機能未知遺伝子群y-omeの特徴解析及びその機能予測可能性の検証
3. 学会等名	第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年	2021年

1. 発表者名 曾 超(早大/CBBB-01L)、浜田 道昭(早大/CBBB-01L)
2. 発表標題 リピート配列由来の機能エレメントの探索
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 大里 直樹(早大)、浜田 道昭(早大/CBBB-01L)
2. 発表標題 ヒトのエンハンサーと遺伝子相互作用や転写制御に影響する、方向性のある転写因子DNA結合配列の発見
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Kentou Kubo(早大), Tsukasa Fukunaga(早大), Michiaki Hamada(早大/CBBB-01L)
2. 発表標題 A novel fast pipeline for RNA homology search considering secondary structure with E-value calculation
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Risa Maemura(早大), Shion Hosoda(早大/CBBB-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBB-01L)
2. 発表標題 LDAを使用した微生物-代謝物相互作用の推定,
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Chisato Yuki(早大), Michiaki Hamada(早大/CBBB-01L)
2. 発表標題 塩基対確率に基づくRNA二次構造検索ツールの開発
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Ryo Niwa(早大), Chao Zeng(早大/CBBB-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBB-01L)
2. 発表標題 転写因子結合部位として働く反復配列の発見とその機能の解明
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Shion Hosoda(早大/CBBB-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBB-01L)
2. 発表標題 細菌叢データにおける系統樹に基づいた回帰のためのベイジアンモデルの提案
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Kaisei Hara(早大), Natsuki Iwano(早大), Tsukasa Fukunaga(早大/東大), Michiaki Hamada(早大/CBBB-01L)
2. 発表標題 深層学習を用いたRNAアクセシビリティ予測の高速化
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Risa Akita(早大), Taro Matsutani(早大/CBBD-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 IS-divergenceを用いた非負値行列因子分解による変異シグネチャ抽出ツールの改善
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Miyako Ishihara(早大), Kotaro Sekine(早大), Masahiro Onoguchi(早大/CBBD-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 ニューロンにおける転移因子の転移異常と統合失調症発症の関係
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Arisa Nozaki(早大), Masahiro Onoguchi(早大/CBBD-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 液-液相分離の現象に着目したエンハンサーRNAの機能解析
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Kotaro Sekine(早大), Masahiro Onoguchi(早大/CBBD-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 脳における細胞種特異的なDNA結合モチーフとしての転移因子の機能
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Taro Matsutani(早大/CBBD-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 変異クラスに依存しない階層ベイズモデルに基づくがんゲノムのIndelシグネチャー決定
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 横山 源太郎(早大)、細田 至温(早大/CBBD-01L)、福永 津嵩(早大/東大)、浜田 道昭(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 隠れマルコフモデルを用いたヒト腸内細菌叢の個人内エンテロタイプ遷移の推定
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Natsuki Iwano(早大), Tatsuo Adachi, Kazuteru Aoki, Yoshikazu Nakamura and Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 A variational autoencoder with profile hidden Markov model for generative aptamer discovery
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Taro Matsutani(早大/CBBD-01L), Michiaki Hamada(早大/CBBD-01L)
2. 発表標題 変異アレル頻度を考慮したヒトがんゲノムの変異シグネチャー解析
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Atsushi Takeda(早大), Daisuke Nonaka(東大), Yuta Imazu(東大), Tsukasa Fukunaga(早大), Michiaki Hamada(早大/CBBD-OIL)
2. 発表標題 De Novo Repeat Detection using Inexact Seed
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Masahiro Onoguchi(早大/CBBD-OIL; 筆頭), Chao Zeng(早大/CBBD-OIL), Ayako Matsumaru, Michiaki Hamada(早大/CBBD-OIL; C.A.)
2. 発表標題 Binding Patterns of RNA Binding Proteins To Repeat-Derived RNA Sequences Reveal Putative Functional RNA Elements
3. 学会等名 第22回日本RNA学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Masahiro Onoguchi(早大/CBBD-OIL; 筆頭), Chao Zeng(早大/CBBD-OIL), Ayako Matsumaru, Michiaki Hamada(早大/CBBD-OIL; C.A.)
2. 発表標題 Binding patterns of RNA binding proteins to repeat-derived RNA sequences reveal putative functional RNA elements
3. 学会等名 Keystone Symposia: Non-Coding RNAs: Biology and Applications
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Shion Hosoda(早大/CBBD-OIL; 筆頭), Tsukasa Fukunaga(早大/東大), Michiaki Hamada(早大/CBBD-OIL; C.A.)
2. 発表標題 Umibato: estimation of time-varying microbial interaction using continuous-time regression hidden Markov model
3. 学会等名 第10回生命医薬情報学連合大会(IIBMP2021)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 浜田道昭
2. 発表標題 生命科学と情報科学をつなぐバイオインフォマティクス研究
3. 学会等名 日本材料科学会 平成30年度学術講演大会（招待講演）
4. 発表年 2018年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 藤 博幸、岩部 直之、川端 猛、浜田 道昭、門田 幸二、須山 幹太、光山 統泰、黒川 顕、森 宙史、東光一、吉沢 明康、片山 俊明	4. 発行年 2018年
2. 出版社 講談社	5. 総ページ数 208
3. 書名 よくわかるバイオインフォマティクス入門	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

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
研究分担者	岩切 淳一 (Iwakiri Junichi) (40770160)	東京大学・大学院新領域創成科学研究科・助教 (12601)	

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
---------	---------