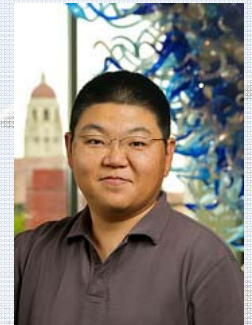


Gene Expression Commons: グローバルスケール・メタ解析を用いた 遺伝子発現の全体像を客観的に把握する ためのオープンプラットフォーム

Gene Expression Commons:
an open-platform for objective gene expression profiling
based on global-scale meta-analysis

概要

- 日時** 平成27(2015)年5月27日(水) 17:00~18:00
会場 東京工業大学 大岡山キャンパス 西9号館2階
イノベーションマネジメント研究科演習室
<http://www.mot.titech.ac.jp/access/>
講師 清田純 スタンフォード大学幹細胞再生医学研究所
申込 不要(当日会場にお越し下さい)



要旨

細胞を投与するという再生医療の責任ある確立には、細胞の振る舞いの全体像を一つのシステムとして理解する必要がある。我々はその基盤の一つとして、細胞の全遺伝子発現を客観的に把握することを可能とするシステム、Gene Expression Commons (<https://gexc.stanford.edu>) を開発した。

マイクロアレイやRNAseqは全遺伝子の発現を測定することを可能にしたが、その測定値は単位の無い相対値であり、測定値を評価するには2つ以上のサンプルを比較して遺伝子発現量の相対的な「差」をプロファイリングすることとなる。一方、遺伝子発現の挙動・ダイナミックレンジは各遺伝子毎に違うことが予想されるが、我々はそれを知らないために、遺伝子間で「差」の違いを評価する際に、過大評価、過小評価が発生する。発現量のダイナミックレンジが10倍ある遺伝子Aにおける2倍の変動と、発現量のダイナミックレンジが3倍の遺伝子Bにおける2倍の変動では「2倍」の生物学的意義は大きく異なるはずである。

この限界を超えるために、我々はNIH GEOに登録された全てのマイクロアレイ・データをメタ解析し、各遺伝子の発現量のダイナミックレンジを算出した。さらにその大量のデータの分布から、遺伝子発現がinactiveからactiveに切り替わる閾値を統計学的に検出しデータベース化した。ここに各自が持つマイクロアレイ・データをマッピングすることにより、全遺伝子の発現の程度を一義的に求めることが可能となる。各サンプルは個別にマッピングされるため、一度マッピングされれば、任意のサンプルに対して比較検討が可能となり、遺伝子発現量の情報は比較対象の組み合わせに影響されることなく、常に同じ値を示す。Gene Expression Commonsはwebインターフェースを介して検索・比較検討、そして各自のデータをアップロードして解析することが可能な、オープンプラットフォームとして設計されている。これによりあらゆる種類の細胞の遺伝子発現の全体像を客観的に把握することが可能となる。

本講演では上記プロジェクトおよびこれを支えるカリフォルニアの州を上げた再生医療推進の仕組みについてご紹介したい。

問合せ

企画: 大学院イノベーションマネジメント研究科 仙石研究室
ACLS: 大学院情報理工学研究科 秋山研究室

sengoku@mot.titech.ac.jp
akiyama@cs.titech.ac.jp