

数学と情報科学で解き明かす多様な対象の数理構造と活用
2020 年度採択研究者

2020 年度 年次報告書

前原 一満

九州大学生体防御医学研究所
助教

生命現象の定性的理解を支援するデータ解析技術の創出

§ 1. 研究成果の概要

本計画では、組合せ論的ホッジ分解による流れの構造抽出をコア技術とし、大規模なデータの背後に潜む定性的知識の獲得を目指している。計測・モデリング・データ解析を通じた統一的なデータ解析フレームワークの創出により、分子から細胞・組織スケールの複雑な生命システムを背景とする大規模計測データから、流れの構造を通じた対象の定性的理解、すなわち人間に馴染みやすい概念の獲得が実現できると考えている。

本年度は、離散的ホッジ分解の作用素を取り入れた回帰モデルを使い、遺伝子発現ダイナミクスの可視化や定性的情報の要約に適した疎な有向グラフを構築する手法の開発を進めた。さらに、独自に開発した少数細胞解析法を発展させ、多様な細胞から構成される組織切片のエピゲノム解析法を開発した。そのほか、DNA バーコードやプローブ設計等の単一細胞計測の要素技術開発も進めている。

共同研究については、次世代シーケンスデータの取得や情報解析を行い、3件の論文成果を挙げた。

【代表的な原著論文情報】

- 1) Hiroaki Tachiwana, Mariko Dacher, [Kazumitsu Maehara](#), Akihito Harada, Yosuke Seto, Ryohei Katayama, Yasuyuki Ohkawa, Hiroshi Kimura, Hitoshi Kurumizaka, Noriko Saitoh. Chromatin structure-dependent histone incorporation revealed by a genome-wide deposition assay. *eLife* 10:e66290, 2021
- 2) Sjoerd J D Tjalsma, Mayako Hori, Yuko Sato, Aurelie Bousard, Akito Ohi, Ana Cláudia Raposo, Julia Roensch, Agnes Le Saux, Jumpei Nogami, [Kazumitsu Maehara](#), Tomoya Kujirai, Tetsuya Handa, Sandra Bagés-Arnal, Yasuyuki Ohkawa, Hitoshi Kurumizaka, Simão Teixeira da Rocha, Jan J Żylicz, Hiroshi Kimura, Edith Heard. H4K20me1 and H3K27me3 are concurrently loaded onto the inactive X chromosome but dispensable for inducing gene silencing. *EMBO reports* 22(3) e51989, 2021
- 3) Qianmei Wu, Takeru Fujii, Akihito Harada, Kosuke Tomimatsu, Atsuko Miyawaki-Kuwakado, Masatoshi Fujita, [Kazumitsu Maehara](#), Yasuyuki Ohkawa. Genome-wide analysis of chromatin structure changes upon MyoD binding in proliferative myoblasts during the cell cycle. *Journal of biochemistry*, 2021