

Bioinformatics Research Team



VANDENBON Alexis (准教授)
生命科学研究所・高次生命科学専攻
alexisvdb@infront.kyoto-u.ac.jp
genomics.virus.kyoto-u.ac.jp/alexisvdb
2号館 2階 219号室

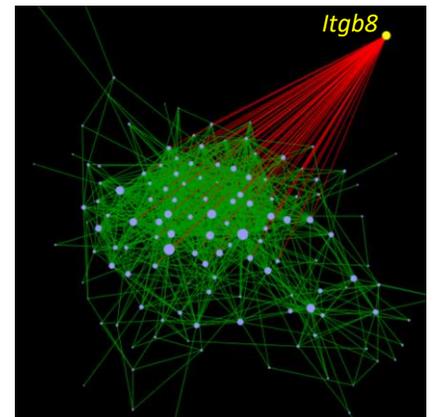
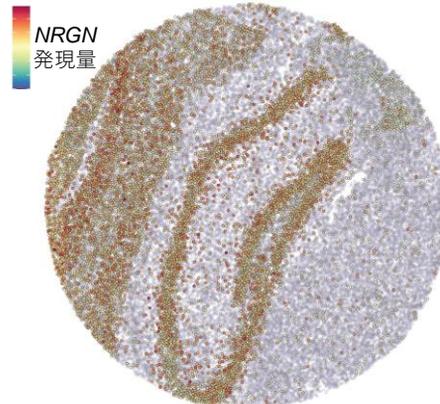
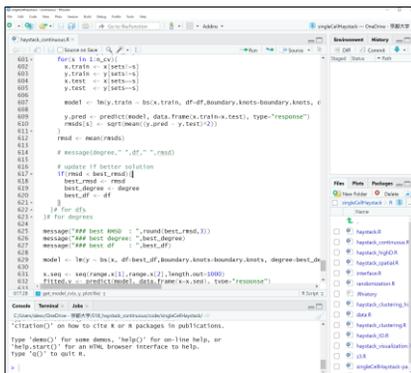


バイオインフォマティクスは生物学、数学、統計学、機械学習、プログラミング等を組み合わせた分野です。膨大なデータから生物学的に意味のある情報を抽出することは近年ますます重要性を増しています。

研究内容

様々なレベルにおける遺伝子発現調節を、RやPythonを用いて解析しています。

1. 1細胞RNA-seqなどの高次元データを探索するためのバイオインフォマティクス手法の開発。[1]
2. 刺激を受けた細胞のChIP-seq時系列データを用いて、ヒストン修飾の変化パターンと遺伝子発現の関係性を解析。[2]
3. 多数のデータセットの統合解析に基づいた、ゲノムワイドな遺伝子共発現ネットワークのデータベースを構築。[3]
4. 共同研究プロジェクトとして、肝臓組織や造血前駆細胞などの1細胞RNA-seqや空間トランスクリプトームの解析。



RやPythonを用いた手法の開発 約4万個の細胞を含む空間転写データの探索的分析

Treg特異的遺伝子群の共発現ネットワーク解析

参考論文

- [1] Vandenbon A.* and Diez D. A clustering-independent method for finding differentially expressed genes in single-cell transcriptome data, *Nat. Commun.*, 11 (1), 4318, 2020.
See also github.com/alexisvdb/singleCellHaystack
- [2] Vandenbon A.*†, Kumagai Y.†, *et al.*, Waves of chromatin modifications in mouse dendritic cells in response to LPS stimulation, *Genome Biol.*, 19:138, 2018.
- [3] Vandenbon A.*, Dinh V.H., *et al.*, Immuno-Navigator, a batch-corrected co-expression database, reveals cell type-specific gene networks in the immune system, *PNAS*, 113(17):E2393-402, 2016.
See also genomics.virus.kyoto-u.ac.jp/immuno-navigator/