

# Bioinformatics Research Team



VANDENBON Alexis (准教授)  
生命科学研究科・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



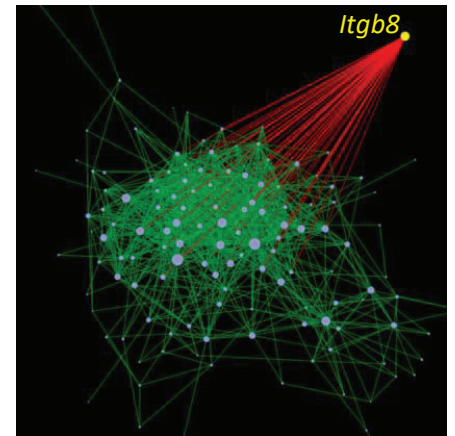
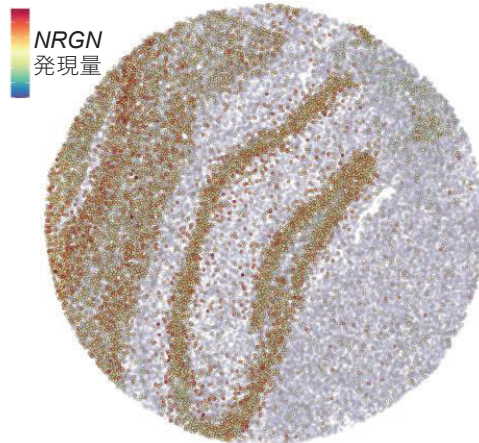
**バイオインフォマティクス**は生物学、数学、統計学、機械学習、プログラミング等を組み合わせた分野です。膨大なデータから生物学的に意味のある情報を抽出することは近年ますます重要性を増しています。

## 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. 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。[2]
3. 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。[3]
4. 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。[4]

```
001 # Run on a single cell
002 for(i in 1:n) {
003   x.train <- x[sets[i],]
004   y.train <- y[sets[i],]
005   x.test <- x[sets[-i],]
006   y.test <- y[sets[-i],]
007
008   model <- ltm(x.train ~ bs(x.train, df=df.boundary.knots.boundary.knots, c
009   y.pred <- predict(model, data.frame(x.train, x.test, type="response"))
010   rpred(x) <- sqrt(mean((y.pred - y.test)^2))
011   read <- mean(rpreds)
012
013   # message(degree, " ", df, "\n", read)
014
015   # update if better solution
016   best_read <- read
017   best_degree <- degree
018   best_df <- df
019
020   # if for dfs
021   if (for dfs) {
022     # message("### best read = ", read, "best_read,")
023     message("### best degree = ", best_degree)
024     message("### best df = ", best_df)
025
026     model <- ltm(x, df=best_df.boundary.knots.boundary.knots, degree=best_d
027     x.seq <- seq(range(x[1], range(x[2]), length.out=1000))
028     # ltm(x.seq ~ predict(model, data.frame(x.seq), type="response"))
029
030   }
031 }
032 }
```



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] Vandenberg 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](https://github.com/alexisvdb/singleCellHaystack)
- [2] Vandenberg A., Mizuno R., et al., Murine breast cancers disorganize the liver transcriptome in a zoned manner, *Commun. Biol.*, 6(1), 97, 2023.
- [3] Vandenberg A., Kumagai Y., et al., Waves of chromatin modifications in mouse dendritic cells in response to LPS stimulation, *Genome Biol.*, 19:138, 2018.
- [4] Vandenberg 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/](https://genomics.virus.kyoto-u.ac.jp/immuno-navigator/)