

王 青波 (おう せい は)

履歴書

2025/07/20

職歴:

2024/01 - 現在

Senior Computational Biologist, Calico Life Sciences LLC

2023/04 - 09

准教授 東京大学大学院医学系研究科 遺伝情報学教室

2021/06 - 2023/03

准教授 大阪大学大学院医学系研究科 遺伝統計学教室

学歴:

2016/09-2021/05

Ph.D. ハーバード大学 大学院 バイオメディカル情報学

卒業論文: Integrating large-scale genomics data to improve variant interpretation in coding and non-coding regions (大規模ゲノムデータの統合による、コーディング及び非コーディング領域における遺伝子変異解釈能の向上)

卒業論文指導教官: Dr. Daniel MacArthur, Dr. Hilary Finucane, and Dr. Mark Daly

2012/04-2016/03

学士 東京大学 理学部 生物情報科学科 (理科一類 入学)

卒業論文: Genome-wide computational identification of target site-specific gRNA sequence and experimental analysis of efficiency determinants of the genome editing in CRISPR/Cas system (CRISPR/Casシステムにおける、計算機に依る標的部位特異的ガイドRNA配列の網羅的同定及びゲノム編集の効率決定要因の解析)

卒業論文指導教官: 程 久美子 先生

2008/04-2011/03

東京都立 国立高等学校

研究業績 (査読前preprintを含む):

(主著、 * = 共同第一著者)

1. Wang, Q. S. *et al.* Platform-dependent effects of genetic variants on plasma APOL1 and their implications for kidney disease. *bioRxiv* 2025.01.30.635763; doi: [10.1101/2025.01.30.635763](https://doi.org/10.1101/2025.01.30.635763) (preprint).
2. Wang, Q. S. *et al.* Statistically and functionally fine-mapped blood eQTLs and pQTLs from 1,405 humans reveal distinct regulation patterns and disease relevance. *Nature Genetics* 56, 2054–2067 (2024).
3. Wang, Q. S. *et al.* Estimating gene-level false discovery probability improves eQTL statistical fine-mapping precision. *NAR Genomics and Bioinformatics*, 5(4), lqad090 (2023).
4. Wang, Q. S. and Ui-Tei, K. Utilizing Large Functional and Population Genomics Resources for CRISPR/Cas Perturbation Experiment Design. In: Hatada, I. (eds) *Genome Editing in Animals. Methods in Molecular Biology*, vol 2637. Humana, New York, NY. (2023).
5. Wang, Q. S. *et al.* The whole blood transcriptional regulation landscape in 465 COVID-19 infected samples from Japan COVID-19 Task Force. *Nature Communications* 13, 4830 (2022).
6. Marshall, J. L.* , Noel, T.* , Wang, Q. S.* , Chen, H.* *et al.* High-resolution Slide-seqV2 spatial transcriptomics enables discovery of disease-specific cell neighborhoods and pathways. *iScience* 25, 104097 (2022).
7. Wang, Q. S. & Huang, H. Methods for statistical fine-mapping and their applications to auto-immune diseases. *Semin Immunopathol* 44, 101–113 (2022).
8. Wang, Q. S. *et al.* Leveraging supervised learning for functionally informed fine-mapping of cis-eQTLs identifies an additional 20,913 putative causal eQTLs. *Nature Communications* 12, 3394 (2021).
9. Luthria, G.* & Wang, Q.* Implementing a Cloud Based Method for Protected Clinical Trial Data Sharing. *Pac Symp Biocomput* 25, 647–658 (2020) (corresponding author)
10. Wang, Q. *et al.* Landscape of multi-nucleotide variants in 125,748 human exomes and 15,708 genomes. *Nature Communications* 11, 2539 (2020).
11. Wang, Q. & Ui-Tei, K. Computational Prediction of CRISPR/Cas9 Target Sites Reveals Potential Off-Target Risks in Human and Mouse. in *Genome Editing in Animals: Methods and Protocols* (ed. Hatada, I.) 43–53 (Springer, 2017).

(共著、 † = 責任著者)

1. Edahiro, R., ..., Wang, Q.S., ... & Okada, Y. Deciphering state-dependent immune features from multi-layer omics data at single-cell resolution. *Nature Genetics* (2025) (In press).
2. Srivastava, D., Korsakova, A., Wang, Q., Ruiz, L., Yuan, H., & Kelley, D. R. Borzoi-informed fine mapping improves causal variant prioritization in complex trait GWAS. *bioRxiv*, 2025-07 doi: <https://doi.org/10.1101/2025.07.09.663936> (preprint).
3. Park, H., Wang, Q. S., Hasegawa, T., Namkoong, H., Tanaka, H., Koike, R., ... & Miyano, S. Unraveling the COVID-19 Severity Hubs and Interplays in Inflammatory-Related RNA–Protein Networks. *International journal of molecular sciences*, 26(9), 4412 (2025).
4. Takahashi, Y., Wang, Q. S.[†], Hasegawa, T., Namkoong, H., Inoue, F., Fukunaga, K., ... & Okada, Y.[†] JOB: Japan Omics Browser provides integrative visualization of multi-omics data. *BMC genomics*, 26(1), 1-11 (2025).
5. Sonehara, K. *et al.* Germline variants and mosaic chromosomal alterations affect COVID-19 vaccine immunogenicity. *Cell genomics*, 5(3) (2025).
6. Saitou, M., Dahl, A., Wang, Q. & Liu, X. Allele frequency differences of causal variants have a major impact on low cross-ancestry portability of PRS. *The American Journal of Human Genetics* 111(12), 2814-2825 (2024).
7. Tomofuji, Y., Edahiro, R., Sonehara, K., Shirai, Y., Kock, K. H., Wang, Q. S., ... & Okada, Y. Quantification of escape from X chromosome inactivation with single-cell omics data reveals heterogeneity across cell types and tissues. *Cell Genomics*, 4(8) (2024).
8. Kato, C., Morimoto, S., Takahashi, S., Namba, S., Wang, Q. S., Okada, Y., & Okano, H. Spinal cord motor neuron phenotypes and polygenic risk scores in sporadic amyotrophic lateral sclerosis: deciphering the disease pathology and therapeutic potential of ropinirole hydrochloride. *Journal of Neurology, Neurosurgery & Psychiatry*, 96(2), 199-201 (2025).
9. Siraj, L. *et al.* Functional dissection of complex and molecular trait variants at single nucleotide resolution. *bioRxiv* 2024.05.05.592437 (2024) doi: [10.1101/2024.05.05.592437](https://doi.org/10.1101/2024.05.05.592437) (preprint).
10. Chen, S., Francioli, L. C., Goodrich, J. K., Collins, R. L., Kanai, M., Wang, Q., ... & Karczewski, K. J. A genomic mutational constraint map using variation in 76,156 human genomes. *Nature*, 1-11 (2023).
11. Guo, M. H. *et al.* Inferring compound heterozygosity from large-scale exome sequencing data. *Nature Genetics*, 1-10 (2023).
12. Sekita, A. *et al.* Multifaceted analysis of cross-tissue transcriptomes reveals phenotype–endotype associations in atopic dermatitis. *Nature communications*, 14(1), 6133 (2023).
13. Kanai, M. *et al.* A second update on mapping the human genetic architecture of COVID-19. *Nature*, 621(7977), E7-E26 (2023).
14. Edahiro, R., Shirai, Y., Takeshima, Y. *et al.* Single-cell analyses and host genetics highlight the role of innate immune cells in COVID-19 severity. *Nat Genet* (2023).
15. Maruyama, S., Kusakabe, T., Zou, X., Kobayashi, Y., Asano, Y., Wang, Q. S., Ui-Tei, K. SNPD-CRISPR: Single Nucleotide Polymorphism-Distinguishable Repression or Enhancement of a Target Gene Expression by CRISPR System. In: Hatada, I. (eds) *Genome Editing in Animals. Methods in Molecular Biology*, vol 2637. Humana, New York, NY (2023).
16. Namkoong, H. *et al.* DOCK2 is involved in the host genetics and biology of severe COVID-19. *Nature* 609, 754–760 (2022).

17. Laricchia, K. M. *et al.* Mitochondrial DNA variation across 56,434 individuals in gnomAD. *Genome Res.* gr.276013.121 (2022).
18. Baxter, S. M. *et al.* Centers for Mendelian Genomics: A decade of facilitating gene discovery. *Genetics in Medicine* (2022).
19. Noel, T., Wang, Q. S. †, Greka, A. † & Marshall, J. L. † Principles of Spatial Transcriptomics Analysis: A Practical Walk-Through in Kidney Tissue. *Frontiers in Physiology* 12, (2022).
20. Kanai, M. *et al.* Insights from complex trait fine-mapping across diverse populations. *medRxiv* 2021.09.03.21262975 (2021) doi:[10.1101/2021.09.03.21262975](https://doi.org/10.1101/2021.09.03.21262975) (preprint).
21. COVID-19 Host Genetics Initiative. Mapping the human genetic architecture of COVID-19. *Nature* 600, 472–477 (2021).
22. Marshall, J. L. *et al.* HyPR-seq: Single-cell quantification of chosen RNAs via hybridization and sequencing of DNA probes. *Proc Natl Acad Sci USA* 202010738 (2020).
23. Karczewski, K. J. *et al.* The mutational constraint spectrum quantified from variation in 141,456 humans. *Nature* 581, 434–443 (2020).
24. Collins, R. L. *et al.* A structural variation reference for medical and population genetics. *Nature* 581, 444–451 (2020).
25. Cummings, B. B. *et al.* Transcript expression-aware annotation improves rare variant interpretation. *Nature* 581, 452–458 (2020).
26. Minikel, E. V. *et al.* Evaluating drug targets through human loss-of-function genetic variation. *Nature* 581, 459–464 (2020).
27. Whiffin, N. *et al.* The effect of LRRK2 loss-of-function variants in humans. *Nature Medicine* 26, 869–877 (2020).
28. Whiffin, N. *et al.* Characterising the loss-of-function impact of 5' untranslated region variants in 15,708 individuals. *Nature Communications* 11, 2523 (2020).

(その他解説記事等)

1. Wang, Q.S. Moving beyond genome wide association studies with statistical fine-mapping. (ゲノムワイド関連解析のその先へ: 統計的 fine-mapping の基礎と発展). *JSBi Bioinformatics Review*, 4(1), 35-51 (2023).
2. 王 青波. eQTL情報と機械学習の融合研究. ポストGWAS時代の遺伝統計学 オミクス解析と機械学習でヒト疾患を俯瞰する, 岡田随象／編, 実験医学増刊 Vol. 41 No. 7
3. Yukinori, O. and Wang, Q. S. A massive effort links protein-coding gene variants to health. *Nature* 599.7886, 561-563 (2021).

(学会口頭発表)

1. Wang, Q.S. *et al.* Supervised learning and functionally-informed fine-mapping of cis-eQTLs newly identifies 20,913 putative causal eQTLs. 日本人類遺伝学会第66回大会 (2021)

2. Wang, Q.S. *et al.* Leveraging supervised learning for functionally-informed fine-mapping of cis-eQTLs identifies an additional 20,913 putative causal eQTLs. 第44回日本分子生物学会年会 (2021)
3. Wang, Q.S. *et al.* Supervised learning and functionally-informed fine-mapping of cis-eQTLs newly identifies 20,913 putative causal eQTLs. 日本人類遺伝学会第66回大会 (2021)
4. Wang, Q.S. *et al.* Leveraging supervised learning for functionally-informed fine-mapping of cis-eQTLs identifies an additional 20,913 putative causal eQTLs. 2021年日本バイオインフォマティクス学会年会・第10回生命医薬情報学連合大会 (IIBMP2021) (2021)
5. Wang, Q. OASiS: Off-the-ball Action Significance Score. *Sloan Sports Analytics Conference* (2020).
6. Luthria, G. & Wang, Q. Implementing a Cloud Based Method for Protected Clinical Trial Data Sharing. *Pacific Symposium of Biocomputing* (2020).
7. Wang, Q. *et al.* Aggregation of 141,456 human exomes and genomes combined with mouse and human cell experiments data improves disease gene and variant annotation. 第42回日本分子生物学会年会 (2019).
8. Luthria, G. & Wang, Q. A Research Centered Approach to Sharing Patient Data While Protecting Patient Privacy. *The Vivli Annual Meeting* (2019). (Invited as the Vivli Microsoft 2019 Datathon Grand Prize Winners)
9. 王 青波、内藤 雄樹、程 久美子. ゲノムサイズの異なる生物種における、標的遺伝子特異的なCRISPR/Cas9ガイドRNAの網羅的同定. 第38回日本分子生物学会年会 (2015).
10. Wang, Q. *et al.* Computational identification of CRISPR/Cas9 target sites revealed potential off-target risks in human and mouse genomes. *Conference on Transposition and Genome Engineering* (2015). (Invited undergraduate speaker)

(学会ポスター発表)

1. Wang, Q.S. *et al.* Leveraging supervised learning for functionally-informed fine-mapping of cis-eQTLs identifies an additional 20,913 putative causal eQTLs. 第44回日本分子生物学会年会 (2021)
2. Wang, Q. *et al.* Predicting the probability of cis-regulatory effects in the human genome with supervised learning from 14,807 fine-mapped eQTLs and 6,121 features. *American Society of Human Genetics Annual Meeting* (2020).
3. Wang, Q. *et al.* Aggregation of 141,456 human exomes and genomes combined with mouse and human cell experiments data improves disease gene and variant annotation. 第42回日本分子生物学会年会 (2019).
4. Wang, Q. *et al.* Machine learning-based prediction of gene expression modifiers prioritizes non-coding variants causal for rare disease. *American Society of Human Genetics Annual Meeting* (2019).

5. Wang, Q. *et al.* Machine learning-based prediction of gene expression modifiers prioritizes non-coding variants causal for rare disease. *Keystone Symposia From Rare to Care: Discovery, Modeling and Translation of Rare Diseases* (2018).
6. Wang, Q. *et al.* Landscape of multi-nucleotide variants across 123,136 human exomes. *American Society of Human Genetics Annual Meeting* (2018).
7. Wang, Q. *et al.* Computational pipeline for single nucleus RNA sequencing, and its application to human skeletal myotubes. *American Society of Human Genetics Annual Meeting* (2017).
8. 王 青波、内藤 雄樹、程 久美子. ゲノムサイズの異なる生物種における、標的遺伝子特異的なCRISPR/Cas9ガイドRNAの網羅的同定. 第38回日本分子生物学会年会 (2015).
9. Wang, Q. *et al.* Genome-wide identification of CRISPR/Cas9 target sites with reduced off-target effects in organisms with different genome sizes. *CSHL Meeting on GENOME ENGINEERING: THE CRISPR/CAS REVOLUTION* (2015).

競争的資金:

(代表者として)

- 2022/04-2025/03 感染症総合教育研究拠点 (CiDER) 部局横断型「感染症」研究促進プログラム (3,000千円/年) (大阪大学学内公募)
- 2022/04-2025/03 AMED 遺伝性疾患のゲノム解析で得られたVUS (Variants of Unknown Significance; 臨床的意義が不明なバリエーション) への機能的アノテーションに資する基盤研究 (10,000千円/年)
- 2022/04-2023/03 中島記念国際交流財団 研究助成金 (4,000千円)
- 2022/04-2023/03 上原記念生命科学財団 研究奨励金 (2,000千円)

受賞歴:

- 2020/03 スロースポーツ分析会議 (Sloan Sports Analytics Conference) ハッカソンファイナリスト (140名以上の参加者内上位6名)
- 2019/12 日本分子生物学会年会 海外若手研究者招聘企画採択 (支給額: 15万円)
- 2019/06 Microsoft Vivli データソン 世界大会優勝
(医薬臨床試験データを安全にシェアする計算機的手法実装を評価する大会; 賞金1500ドル)
- 2018-2019 ハーバード脳科学研究所若手研究者賞 受賞
(オーストリアで開催されるキーストーン国際会議への渡航費を支給)
- 2016/09-2021/08 中島国際記念財団 奨学生

(海外留学に際し300万円/年の授業料2年間、及び 240万円/年の生活費を5年間を支給)

教育経験:

2022年度 東京大学医学部 生化学実習 応用編 「ゲノムデータ解析」

2022年度 大阪大学医学部講義

- 遺伝学 (バイオインフォマティクス基礎)
- 遺伝学実習 (GenomeData解析入門 2)
- (予定) 臨床遺伝学 (疾患原因変異の統計的推定 / オーミクスによる疾患メカニズムの推定)

2022年度 大阪大学 全学共通教育科目 学問への扉 「なぜ病気になるのだろうか？」

2021/12/06 東京大学 第1388回生物科学セミナー

「大規模集団遺伝学データから一塩基レベルで原因変異を同定する試み」

2021年度 大阪大学医学部講義

- 臨床遺伝学 (疾患原因変異の統計的推定 / オーミクスによる疾患メカニズムの推定)
- 遺伝学実習 (GenomeData解析入門 2)

2020年度秋学期 ハーバード T.H. Chan 公衆衛生大学院講義

- TA(ティーチングアシスタント), BST227: Introduction to Statistical Genetics (統計遺伝学入門)
- TA, EPI249: Molecular Biology for Epidemiologists (公衆衛生学者へ向けた分子生物学入門)

2016年度 夏学期 東京大学理学部講義

- TA, 基礎生化学実験
- TA, 生物情報科学科 初年次ゼミナール

2018/05/28-06/01 講義主任, 国際基督教大学ワークショップ (Japan ICU Foundation 助成)

「ハーバードPhD学生と学ぶ定量的解析ハッカソン」

2018/2019年夏 ブロード研究所夏期短期研究プログラム メンター

(2018年指導学生 Katherine Sanders が本研究内容でGoldwater Scholarshipを受賞)

(2019年指導学生 Breanna Mcbean が本研究内容でABRCMS会議にて優秀発表賞を受賞)

資格:

- 統計検定 (日本統計学会公式認定) 準一級

その他 連絡先等:

生まれ: 1993/01/28 (東京都)

Tel: (+81)-80-4770-6019

Email: qsw[at]calicolabs.com