

פרופ' ערן סגל סיים את לימודי התואר הראשון במדעי המחשב באוניברסיטת תל-אביב בהצטיינות (Summa cum laude) ואת לימודי הדוקטורט במדעי המחשב וגנטיקה באוניברסיטת סטנפורד בארצות הברית. שלושה ממאמריו בדוקטורט זכו בפרס המאמר הטוב ביותר בכנסים בין-לאומיים. פרופ' סגל הצטרף כחבר סגל למחלקה למדעי המחשב ומתמטיקה שימושית במכון ויצמן ב-2005, לאחר בתר-דוקטורט עצמאי באוניברסיטת רוקפלר שבניו יורק.

המחקר של פרופ' סגל מתמקד בניסיון להבין כיצד פונקציות ביולוגיות מקודדות בשפת ה-DNA-כיצד הבדלים גנטיים בין אנשים שונים באוכלוסייה מייצרים את השונות הנראית בין אנשים וכיצד היא תורמת להתפתחות מחלות. עיקר המחקר מתמקד בהבנת הקוד שבאמצעותו רצף ה-DNA-קובע באיזו עצמה כל גן וגן יבוא לידי ביטוי, והמטרה היא לפתח מודלים מתמטיים אשר יוכלו לחזות רמות פעילות של גנים מתוך רצפי ה-DNA-שלהם. המחקר בקבוצתו של פרופ' סגל משלב ביולוגיה ניסויית עם מודלים סטטיסטיים מורכבים. בטווח הארוך המודלים שנבנים יוכלו לנבא במדויק את ההשפעה שיש להבדלים ברצף ה-DNA-בין אנשים שונים על רמות הפעילות של הגנים שלהם ועל תהליכים מורכבים יותר, כגון התפתחות מחלות.

פרופ' סגל זכה בפרסים על עבודתו, ובהם פרס חוקר צעיר של EMBO ב-2007 ופרס על שם אוברטון המוענק מטעם האגודה הבין-לאומית לביואינפורמטיקה (ISCB) לחוקר אחד בכל שנה על תרומה ראוייה לציון בתחום הביולוגיה החישובית. הוא פרסם למעלה משמונים מאמרים, בהם למעלה מעשרים בכתבי העת מובילים. Cell, Nature, and Science. אחד ממאמריו שהתפרסם ב-Nature-דורג בינואר 2013 במקום השישי בקטגוריה Molecular Biology באתר Faculty of 1000 מתוך למעלה מ-100,000 מאמרים.

♦ "A Genomic Code for Nucleosome Positioning." *Nature* 442: 772–778 (2006); *The New York Times*, July 25, 2006.

♦ "Predicting Expression Patterns from Regulatory Sequence in *Drosophila* Segmentation." *Nature* 451: 535–540 (2008).

♦ "The DNA-Encoded Nucleosome Organization of a Eukaryotic Genome." *Nature* 458: 362–366 (2009).

♦ "Genome-Wide Measurement of RNA Secondary Structure in Yeast." *Nature* 467:103–107 (2010).

♦ "Inferring Gene Regulatory Logic from High-Throughput Measurements of Thousands of Systematically Designed Promoters." *Nature Biotechnology* 30:521–530 (2012).

♦ "Manipulating Nucleosome Disfavoring Sequences Allows Fine-Tune Regulation

of Gene Expression in Yeast." *Nature Genetics* 44: 743–750 (2012).