



私がこの課題の代表者です

東京大学 定量生命科学研究所 教授 所長 / カロリンスカ研究所 CMB BioNut 特任教授 主任研究員

しらひげ かつひこ
白髭 克彦 先生
Shirahige Katsuhiko

支援メニューはこちらを Click!

課題番号・課題内容

B6-1 1 細胞遺伝子発現解析 など

東京大学教養学部基礎科学科卒、大阪大学博士後期課程卒業 (医科学博士)。奈良先端大、理研、東工大、東大分生研を経て現職。
刷り込みとは恐ろしいもので修士の時以来、一貫して、ゲノムレベルで生命現象を捉える、全体像を捉えるということに執着した研究者人生を送っています。

今まで取り組んできた主たる研究

染色体は生命の設計図であり、DNA 複製、転写、組換え、修復、分離など、多くの重要な機能の基盤です。染色体上では、複数の DNA-タンパク質相互作用がネットワークとして協調し、染色体の形状を制御し、DNA 上の様々な活動を忠実に実行する上で重要な役割を果たしています。私は、染色体生物学の分野にゲノム学的アプローチを導入することで、この概念の確立に大きく貢献してきました。特に、DNA チップやシーケンサーを用いた先駆的な研究で、染色体分配に機能していると考えられていたコヒーシスが転写に重要な役割を持つことなどを明らかにしてきました。ゲノム学的手法は、クロマチン構造の変化に関連する疾患の分子メカニズムを解明する上で、極めて強力なアプローチであることは疑いの余地はありません。現在、どのようにコヒーシスと転写が連携しているのかについてゲノム学、生化学、遺伝学を駆使して明らかにしようとしています。コヒーシスが染色体高次構造を形作る、ループを作るといった既成概念に囚われすぎると、大事なデータを見落とししたり、非常に難しい課題なんですけど、一見、解釈ができない、矛盾したように感じていたデータが、ある日、他のデータによってきれいに矛盾なく解釈できるようになることも多く、日々、驚きと喜びを感じています。

BINDS で支援してみたいこと、ユーザー（申請者）への要望

私の座右の銘は “Progress in science depends on new techniques, new discoveries and new ideas, probably in that order. Innovation comes only from an assault on the unknown. I think one of the things about creativity is not to be afraid of saying the wrong thing.” という Sydney Brenner 氏の言葉と、“Success is not final, failure is not fatal: it is the courage to continue that counts.” - という Winston Churchill の言葉です。前者は科学やイノベーションの本質を端的に示した言葉として、また後者は科学的に真正なデータを日々積み上げていくことの重要性を示した言葉として（研究者として）受け止めています。そういう意味で「できないこと」や「不可能そうなこと」についての挑戦的な技術開発や支援はとても歓迎しておりますので、どうかよろしくお願ひします。



この課題を支援しています



東京工業大学・科学技術創成研究院・細胞制御工学研究センター 教授

きむら ひろし
木村 宏 先生
Kimura, Hiroshi

北海道大学博士 (理学)。オックスフォード大博士研究員、東京医科歯科大助教授、京大特任教授、阪大准教授などを経て現職。

この課題を支援しています



東京大学 定量生命科学研究所 大規模生命情報解析研究分野 准教授 (PI)

なかと りゅういちろう
中戸 隆一郎 先生
Ryuichiro Nakato

京都大学大学院情報学研究所博士課程修了 (情報学)。2010 年に東京大学定量生命科学研究所に着任。2022 年より現職。

様々な種類のゲノムデータを毎日触っています。統計値だけではなく、実際のデータを目で見て考えることを大事にしています

BINDS で支援してみたいこと

遺伝子発現の出発点である転写の状態は、個々の細胞で刻々と変化します。転写の動態や調節メカニズムを明らかにするために、ゲノムワイドな解析が用いられるようになってきました。しかし、ほとんどの場合はゲノム解析用のサンプルを調製した時点で細胞を破壊してしまうため、スナップショットの情報しか取得できません。シングルセルのシールドタイム解析で、疑似的に細胞状態の変遷を再構成することができますが、真に同じ細胞の解析はかなりの困難を要します。一方、顕微鏡を用いた生細胞イメージングでは経時変化を追うことができますが、スループットと分解能が低いのが問題です。我々が目指しているのは、生細胞イメージングでヒストン修飾やクロマチン構造と転写のダイナミクスを観察したあと、同一の細胞

のゲノムワイドを取得することです。そのためには、1細胞解析が必要になるため、技術開発を進めています。ただ、この分野の世界的な流れは非常に速く、次々と出てくる○○○-seq という新規手法をフォローしていくのも大変な状態です。中でも、顕微鏡を用いたハイスループット解析やゲノム構造解析が報告されるようになってきました。我々が目指しているところの生細胞解析とエピゲノム解析の組み合わせは最終的には顕微鏡で収束できるのではないかと思います。BINDS での支援は、次世代シーケンサーによる少数細胞解析ですが、生細胞のヒストン修飾や RNA ポリメラーゼ修飾のダイナミクス解析に関してもご興味のある方はご相談下さい。

今まで取り組んできた主たる研究

次世代シーケンサーを用いた、エピゲノム、遺伝子発現、ゲノム立体構造などのゲノム情報を用いた解析を長年続けています。BINDS においても、我々が開発した情報解析ツールを活用して色々な先生の支援ができれば嬉しく思います。

10 年後の生命科学・創薬研究の世界への期待・想像 など

現在爆発的に発展している深層学習などの普及により、今までわからなかったことがどんどん明らかになり、便利な技術も登場すると思います。一方で、我々研究者が昔から抱いている「生命がどうやってこのような複雑なシステムを実現しているのか」という根源的な問いはまだわかりそうにありません。

