



私がこの課題の代表者です

支援メニューはこちらを Click!

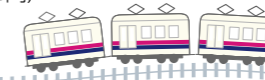
課題番号・課題内容

B2-1 細胞遺伝子発現解析 / B2-2 オミックス解析支援

東京大学先端科学技術研究センター ゲノムサイエンス&メディシン シニアリサーチフェロー

あぶらたに ひろゆき
油谷 浩幸 先生
ABURATANI Hiroyuki

1980年東大医学部医学科卒、1988年医学博士、東大病院第3内科助手、米国MITがん研究センターに留学、1995年助手、1999年先端研助教授、2001年教授、2021年定年、シニアリサーチフェロー（社会連携部門）
中高大学合わせて井の頭線生活が32年目になりました。



油谷先生 1/8 大のフィギュア、3D プリンターで作成されたそうです。



今までに主に取り組んできた研究

今年（2023年）はヒトゲノム配列決定から20周年になります。2003年のヒトゲノム解読完了に伴い、ゲノム情報を生命科学研究に活用する戦略として、マイクロアレイや次世代シーケンサーを用いた包括的な解析技術を駆使したハイスループットバイオロジー（ゲノムバイオロジー）に取り組んで来ました。分子生物学や発生工学が得意とする特定分子の機能解析よりむしろ、表現型（ヒト疾患）の解明に興味がありましたので、仮説を立てて検証するという従来の研究スタイルではなく、ゲノムあるいはトランスクリプトームの多様性を手がかりに原因究明を行うデータドリブンの研究が性に合っていたようです。

現在の取り組み、特に関心のある分野・研究

ゲノム医療の実践はまさに N of 1 研究であり、マルチオーム解析データを蓄積して新たな診断方法の開発や治療標的の同定につながることを期待しています。すなわち、収集データの価値を向上させるには1つの検体からなるべく多種類の情報を収集す

ることが重要になります。1 細胞解析は臓器を構成するそれぞれの細胞のトランスクリプトームやエピゲノム情報、空間解析はそれぞれの細胞の位置関係や相互作用を提供するので、バイアスのない情報収集を行うことで、研究エコシステムの実現が可能です。国内外の研究者によって絶えず蓄積される表現型や画像情報を統合するためにはAIの活用は不可避となりつつあります。

BINDS で支援してみたいこと、ユーザー（申請者）への要望

ゲノム解析を用いた大規模データを扱う研究では検体の品質や解析手法を標準化すること、すなわち Garbage in, garbage out にならないような研究デザイン、解析ノウハウが求められます。これまでに多くの共同研究を実施してきましたので、これらの経験を多少なりとも BINDS 事業で役立てられたらと思います。研究者に重要なことは独自性ですので、申請にあたってのコンサルティングでは研究目的の独創性や準備状況を確認させていただけたらと思います。

この課題を支援しています



東京大学医学部附属病院 循環器内科 / 東京大学大学院医学系研究科 先端循環器医科学講座 特任准教授

のむら せいたろう
野村 征太郎 先生
Seitaro Nomura

2005年 千葉大学医学部卒業
2005年 聖路加国際病院内科レジデント
2009年 千葉大学大学院医学研究院 循環器内科 大学院博士課程（小室一成教授研究室）
2010年 東京大学先端科学技術研究センター ゲノムサイエンス分野 協力研究員
2013年 千葉大学大学院医学研究院 循環器内科 博士課程 修了（博士取得）
2013年 東京大学大学院医学系研究科 循環器内科 特任研究員
2016年 東京大学大学院医学系研究科 循環器内科・重症心不全治療開発講座 特任助教
2023年 東京大学大学院医学系研究科 循環器内科・先端循環器医科学講座 特任准教授
専門分野：ゲノム科学、シングルセル生物学、循環器内科学
基礎と臨床をつないで患者さんのためになる研究を目指しています。

今までに主に取り組んできた研究

私はこれまで主に循環器疾患を対象としたゲノム解析・シングルセル解析の技術開発、およびそれを用いた病態解明・臨床応用に取り組んできました。私がシングルセル解析に取り組み始めた当時（10年以上前）は現在のように使いやすい装置は存在せず、私が主な研究対象としている心臓に存在する心筋細胞はサイズが大きくて扱いづらいため、心臓組織からの細胞単離・細胞のマニュアルピッキング・シングルセル cDNA ライブラリ作成といった一連のプロトコルを自ら作成してきました。今はかなり使いやすい装置が

できてきたので、それらを上手く取り込み独自に使いやすく改良して研究に応用するようになっています。

現在の取り組み、特に関心のある分野・研究

自ら構築した技術によって生命現象・疾患病態を深く理解したいと考えています。我々は循環器疾患を主な対象として研究していますが、心臓や血管以外の様々な組織の解析も行っています。BINDS において、我々が構築してきた技術を応用して日本から良い研究成果を世界に発信できれば嬉しく思っています。

この課題を支援しています



東京大学先端科学技術研究センター 先端データサイエンス分野 特任講師

うえだ ひろき
上田 宏生 先生
UEDA HIROKI

2000年 カナダビクトリア大学 数学科卒業
2013年 東京大学先端研ゲノムサイエンス分野博士課程修了
企業研究員を経て2018年より現職
アカデミアと企業を往復しているキャリアです。
RNA 修飾やがんの情報解析を主に研究しています。

現在の取り組み、特に関心のある分野・研究

ナノポアシーケンサーを用いた RNA 修飾の解析プログラムを作成しています。特に mRNA 上の主要な RNA 修飾（m6A, 5mC, I, Ψ など）を高精度に同時検出できる、深層学習を用いたツールの開発を進めています。RNA 修飾には様々な機能があり、がんを始めとする多くの疾患とも関連していると考えられます。共同研究を通じて、RNA 修飾の機能や意義について解明していきたいと考えています。クラウドコンピューティングや AI を用いた解析も進めています。

10年後の生命科学・創薬研究の世界への期待・想像

AIや生命科学の進展は目覚ましいです。カーツワイルの言うように、テクノロジーは指数関数的に進化していて、各分野が複雑に関係しているのです。すでに、かなり不安定で予測のつかない局面に差し掛かりつつあるのかもしれない。今後の10年と言われた時には、100年ぐらいに変換して考えた方が良さそうですが、それなら猶更、予想するのは難しそうです。先のことは分かりませんが、RNA 修飾が一細胞、分子レベルで計測されることで、脳の機能や、がんの発生メカニズムなど、多くの生命現象で RNA 修飾がどのような役割を果たしているか分かれば面白いし、非常に大きなインパクトがあるのではないかと考えています。