

私がこの課題の 代表者です

◇ 支援メニューはこちらを Click! ✓

G3-1 遺伝子発現・機能解析からインシリコ解析の連携支援 など

早稲田大学 理工学術院 教授

課題番号・課題内容

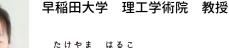
ゆち けい 由良 敬 先生 Kei YURA

1988 年 早稲田大学卒業。1993 年 名古屋大学大学院単位取得退学。1993 年 名古屋 大学助手。1999 年 博士 (理学)。2002 年 日本原子力研究所研究員。2008 年 お茶 の水女子大学教授。2013 年 国立遺伝学研究所教授兼任。2017 年 早稲田大学理工学 術院教授兼任。タンパク質の三次元構造を素朴にめでるとともに、さまざまなデータの構 造に興味をもち、何でも首を突っ込んで、やることがあふれている生活を送っています。

## このチームがめざしている研究現場の未来像

機械学習に関する研究が飛躍的に進んだ現在、これらの技術を生命情報解析に取り入れることは必 須です。測定データから知識を抽出する過程が格段に速くかつ高精度になるはずです。マルチオミック スデータからは、ゲノムやトランスクリプトーム、メタボロームの分子データとそれらの分子データがとれ た細胞空間のデータが得られますので、それらを組み合わせることで、いつどこでどの酵素がはたらい てどの低分子ができたかがわかるはずです。この解析ができるようになるためのウェットとドライの技術

G3-2 1 細胞・微小組織遺伝子発現解析 🦎



竹山 春子 先生 Haruko Takeyama

1992 年東京農工大学工学研究科物質生物工学専攻修了(博士(工学))、東京 農工大学助手、助教授、教授を経て、2007年4月より早稲田大学理工学術院教授。 バイオ計測、特に単一細胞解析を幅広い生物対象で進めています。また、生物 遺伝資源活用を目的としたバイオテクノロジー研究も展開しています。

空間的オミックス解析プラットフォームのもと一細胞~極微 小領域も含めて幅広いサンプルの解析をユーザーに寄り添 い支援をしています。生命の謎を紐解き、医療・創薬研 究に貢献したいと思っています。まずは、コンサルティング でお話を聞かせてください!



早稲田大学 ナノライフ創新研究機構 次席研究員

まつかが ひろこ

1993 年日立製作所中央研究所に就職、2003 年に大阪府立大学で学位(理学) を取得し、2018年より現職。一貫して遺伝子発現解析の技術開発とその応用に

一貫して遺伝子発現解析の技術開発とその応用に従事して きました。BINDS に申請されてくる多種多様な研究ター ゲットから、いかにして発現データを取得するかに力を注 いでいます。



早稲田大学 理工学術院 准教授

ほそかわ まさひと 細川 正人 先生

2010 年 東京農工大学工学府 修了、2015 年 JST さきがけ研究者、2018 年 bitBiome ㈱ CSO、2021 年 早稲田大学 准教授、2022 年 JST 創発研究者。 微生物から動物細胞までのシングルセルゲノム・トランスクリプトーム解析技術の 開発を進めています。

工学的な背景から新規ゲノム解析技術の開発に力を入れ ています。BINDS では、普段はあまり関わることのない 臨床や創薬研究の方々と繋がり、技術を使っていただくだ けでなく、新たな分野を学ぶことも楽しんでいます。



G3-6 インシリコスクリーニング支援



東京大学大学院農学生命科学研究科 特任准教授

むらまつ ともなり 知成 先生

MURAMATSU, Tomonari

東京大学大学院修了。理学博士。東京大学助手、国立がんセンター研究所研究 室長、理化学研究所上級研究員等を経て、現職。

これまでは、tRNA やプロテアーゼ等、生体高分子の構 造機能相関の研究を行って来ました。現在は、文献情報 から新たな関連性を推測するコンピュータープログラムの 開発を行うとともに、それを用いて BINDS での支援を行っ ています。

開発をしています。ウェットにおける測定精度向上とドライにおける機能予測技術や転写制御ネットワー クの予測技術などです。ウェットとドライの研究が完全に一体になり、測定データを瞬く間にコンピュー タ解析し、研究者が新しい知見をすぐに得る時代は目前に迫っていると思っています。 興味深い研究 支援案件が舞い込んできたときに、すぐに対応できるようなしくみ、特に解析の自動化がとても重要に なってくると思っています。

G3-3 プロテオーム解析支援 など 🔪



九州大学 生体防御医学研究所 教授

ばんば たけし 健史 先生

2001年大阪大学大学院工学研究科博士(工学)取得、2006年~2007年大 阪大学大学院薬学研究科助手、同助教、2008年~2015年大阪大学大学院工 学研究科准教授、2015年~九州大学生体防御医学研究所教授。質量分析を用 いたメタボロミクス、プロテオミクスの技術開発と応用研究に取り組んでいます。

オミクスを有効活用するためには、何を明らかにしたいか 何を知りたいかを明確にして、その目的に合ったサンプル を準備することが最も重要です。そのためにも、事前に 十分な打ち合わせをさせていただいた上で実施させていく ことを方針としております。



九州大学 生体防御医学研究所 准教授

いずみ よしひろ

和泉 自泰 先生

2010年大阪大学大学院工学研究科博士(工学)取得、2010年神戸大学博士 研究員、2011 年神戸大学特命助教、2013 年大阪大学特仟助教、2015 年九 州大学准教授。シングルセルメタボローム、プロテオーム解析技術の開発と医学 応用研究を行っています。

BINDS では、質量分析を基盤とした最先端のオミクス計 測技術を駆使して、共同研究者とともに疾患と代謝を中 心とした基礎研究および臨床検体を用いた応用研究を積 極的に展開していきたいと思います。

G3-5 トランスクリプトーム解析支援



早稲田大学 理工学術院 教授

けまだ みちあき 浜田 道昭 先生

民間企業研究員、東京大学特任准教授を経て早稲田大学教授。バックグラウンド は純粋数学ですがいろいろな巡り合わせの結果現在バイオインフォマティクスの 研究室を運営しています。

ゲノム、エピゲノム、トランスクリプトーム、インタラクトーム の基盤情報技術開発およびそれらの生命科学、医学、創 薬への応用研究を推進しています。最近はノンコーディング RNAや核酸医薬の研究を特に注力しています。学生・スタッ フ・共同研究者と一丸となってワクワクする研究をおこない、 多くの人の幸せにつながる研究をしたいと思っています。



早稲田大学 高等研究所 准教授

ふくかが つかさ

Fukunaga Tsukasa

学術振興会特別研究員、東京大学助教を経て早稲田大学准教授。基本的にはプログ ラミングやデータ解析を主軸に研究を進めていますが、一部の研究では共同研究先 の先生のご指導の下、Wet 実験も行いながら研究を進めています。

RNA 二次構造解析や RNA と他分子の相互作用解析に ついて、ツール開発を中心に研究を行ってきました。今後 は、シュードノットや G4 などの複雑な RNA 二次構造解 析やRNA立体構造解析について開発を行う予定です。