

NAISTバイオサイエンス領域における 情報科学系研究室の紹介

情報科学系研究室の紹介



- 統合システム生物学分野
- メディカル生物学分野
- 植物科学分野

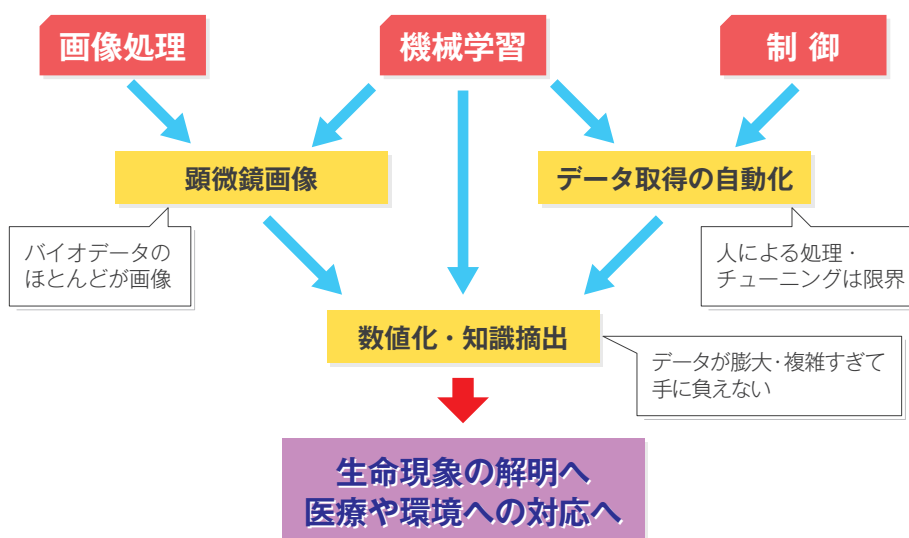
バイオサイエンス領域では、微生物から、植物、動物まで多様な生物を対象とした基礎研究や応用研究が日夜繰り広げられています。その中で、ゲノム配列や発現遺伝子、生物個体や細胞の形や行動などの複雑・多種・大量のデータを用いて以下のような研究が行われています。

- 生物が環境に適応するための分子ネットワークをビックデータ解析で包括的に解明する
- 生命の根幹に関わる生体制御機構に関わる新しい重要因子の数理的解析法を用いて発見する
- 時間的空間的な生体応答について機械学習を駆使したモデリング法を構築する
- 画像や時系列データに機械学習を適用し、実験効率を上げる技術を確認する
- セントラルドグマに基づく生体ネットワークをビックデータを用いた深層学習により新たな関連性を解明する
- 生体形態変化などの視覚データを数学的定義に基づいて定量化する

一方、データの背景に存在する生物学の基礎的知識がないと解析技術だけでは現実のデータ解析をうまくできないと言われています。本冊子では、バイオサイエンス領域の研究室の中から、特に情報科学とバイオの融合研究を行っている研究室を紹介しています。バイオサイエンス領域は情報科学の知識や技術を活用しながらバイオ研究に取り組んでみたい人には最適の環境です。まずは、本冊子をご覧ください、興味ある研究室がありましたら遠慮なく研究室主催者にお問い合わせください。

バイオサイエンス領域

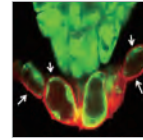
バイオサイエンス研究に情報化学の技術は必須



植物科学分野 Plant Biology

植物発生シグナル P.1

研究キーワード > 植物成長動態、顕微鏡イメージング、コンピュータービジョン、シミュレーション、数理生物学



植物科学分野 Plant Biology

花発生分子遺伝学 P.2

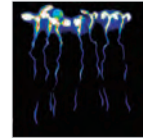
研究キーワード > 転写制御、エピジェネティクス、オミクス、イメージング、時空間定量計測



植物科学分野 Plant Biology

植物生理学 P.3

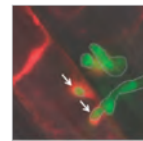
研究キーワード > 概日リズム、数理モデリング、時系列解析



植物科学分野 Plant Biology

植物免疫学 P.4

研究キーワード > 環境微生物、植物共生マイクロバイオーム、データサイエンス



植物科学分野 Plant Biology

植物二次代謝 P.5

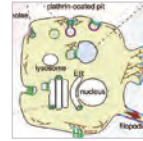
研究キーワード > 細胞内局在代謝フラックス、種間比較ゲノム解析、環境と代謝のゆらぎ、ストレス代謝応答変動のモデリング



メディカル生物学分野 Biomedical Science

分子医学細胞生物学 P.6

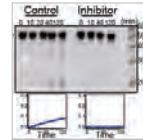
研究キーワード > 深層学習、画像分類、画像生成、細胞生物学



メディカル生物学分野 Biomedical Science

RNA分子医科学 P.7

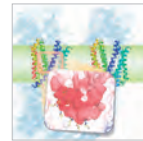
研究キーワード > 遺伝子発現制御、ゲノミクス、データ可視化ツール開発



統合システム生物学分野 Systems Biology

構造生命科学 P.8

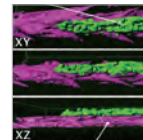
研究キーワード > バイオインフォマティクス、X線結晶構造解析、クライオ電子顕微鏡構造解析



統合システム生物学分野 Systems Biology

遺伝子発現制御 P.9

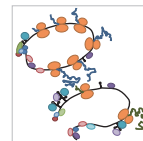
研究キーワード > 発生生物学、形態形成、遺伝子発現制御、ゼブラフィッシュ、マウス



統合システム生物学分野 Plant Biology

バイオエンジニアリング P.10

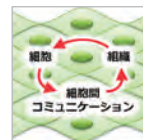
研究キーワード > 遺伝子発現制御、植物等による有用物質生産、バイオインフォマティクス、次世代シーケンサー、塩基配列最適化、機械学習、解析ツール開発



統合システム生物学分野 Systems Biology

データ駆動型生物学 P.11

研究キーワード > 分類学習、回帰、特徴選択、微分方程式、制御



植物発生シグナル

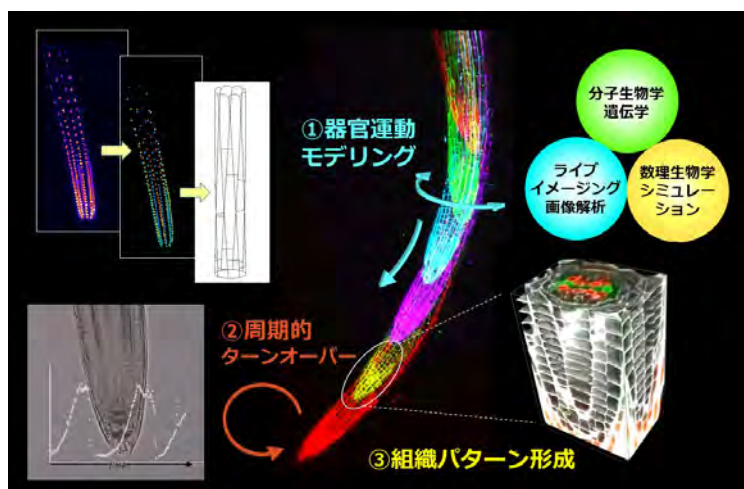
植物の動的な成長を制御するメカニズムの解明

研究・教育の概要

細胞や遺伝子レベルの生物学に、顕微鏡イメージング、画像解析、数理生物学を融合させ、植物のダイナミックな成長を統御するメカニズムを明らかにする研究に取り組んでいます。中枢神経系や筋骨格系を持たない植物において、個々の細胞のふるまいがどのように統合され、器官の自在な成長を可能にしているかは謎に包まれています。私たちはシロイヌナズナの根をモデルとし、植物の組織パターンが形成される仕組みや、器官の成長が環境にตอบสนองして自在に変化する仕組みを明らかにする研究に取り組んでいます。

主な研究テーマ

非生物系出身の学生については、学生の興味やスキルと研究室が持つリソースのマッチングを通じてテーマを決定します。以下は、情報学者や数学者と共同で進めている研究テーマの例です（図1）。



①根の運動メカニズム

根が重力などの環境因子にตอบสนองして変形する過程を特殊な顕微鏡で高解像度にライブイメージングします。得られた動画から細胞の形態や位置の情報を抽出し、変形を生み出す要因を明らかにします。変形過程に異常を示す変異体植物の解析などを通じ、遺伝的・分子的メカニズムを明らかにします。

②細胞の周期的ターンオーバーメカニズム

根の先端の細胞は一定の時間間隔で土壤中に放出され、これが根の成長や土壌微生物との相互作用に重要な役割を果たしています。根に特有の周期的な細胞動態を顕微鏡イメージングと機械学習により検出し、遺伝学的解析を通じて周期を生み出す原理を明らかにします。

③組織パターンの形成メカニズム

根を構成する細胞間の情報伝達や力学的相互作用を数理モデル化し、計算機シミュレーションにより検証します。実際の植物のデータとの比較からパラメーターを精密化することで、メカニズムを明らかにします。

主な発表論文・著作・受賞など

1. Kamiya et al., Control of root cap maturation and cell detachment by BEARSKIN transcription factors in Arabidopsis. Development, 143, 4063-4072, 2016.
2. Hisanaga et al., A cis- acting bidirectional transcription switch controls sexual dimorphism in the liverwort. EMBO J., 38, e100240, 2019.
3. Miyashima et al., Mobile PEAR transcription factors integrate positional cues to prime cambial growth. Nature, 565, 490-494, 2019.
4. Fujiwara, Goh, and Tsugawa et al., Tissue growth constrains root organ outlines into an isometrically scalable shape. Development, 148, dev196253, 2021.

研究室で身につくスキル

生命現象の数理モデリング 画像解析 プログラミング

求める学生像

プログラミング技術を駆使して植物の発生や運動のメカニズムを理論的に追及することに興味を持つ方。データと研究者をつなぐインターフェース技術の開発も含む。生物学の事前知識は問わないが、未知の分野に積極的に挑戦できる方。

卒業生の主な進路先

三菱電機、トヨタ自動車、東芝ライテック、大日本印刷、農業・食品産業技術総合研究機構 など

教授 中島 敬二

助教 宮島 俊介

助教 郷 達明

✉
k-nakaji@bs.naist.jp

Twitter
@KeijiNakajima1

研究室HP



動画サイト



Keyword

植物成長動態

顕微鏡イメージング

コンピュータービジョン

シミュレーション

数理生物学

花発生遺伝子学

1億3千万年の歴史で紡ぎ出された花をつくるシステム(アルゴリズム)の複雑さと合理性、そして美しさを解き明かします。

研究・教育の概要

今日のバイオ研究は2000年代初頭に決定された全ゲノム情報からどのようにして、リアルなものが形作られるのかを理解することだと言っても過言ではありません。私たちは、環境に応答した植物の花のかたち作りを研究しています。人類にとって最も大切な食糧であるお米やパンの元は、花の種子です。また、植物にとって花は、次世代へと命をつなぐ生殖器官であり、1億3千万年以上の進化の過程でさまざまな挑戦による創造と破壊を繰り返してきました。私たちは、植物が環境に応答して花をつくるその複雑なシステムに着目します。花器官サイズの定量的計測、分子生物学レベルでの莫大なバイオオミクスデータから適切なアルゴリズムによりその意味を抽出し、植物が成し遂げてきた進化における合理性の理解し、食糧生産への応用をめざします。

主な研究テーマ

花発生および器官老化の過程における花器官サイズの定量的計測、ゲノム配列や遺伝子発現制御のオミクスデータを解析する生物情報学により花をつくるシステム(アルゴリズム)の複雑さと合理性を理解します。

- 1) 花弁サイズの系統集団解析として、さまざまな地域で生育しているシロイヌナズナの異なる系統の花弁サイズ、細胞数、細胞サイズを自動測定します(図1)。イメージングの大規模な画像データからの深層学習を用いた特徴抽出にもとづくネットワーク分析を行います(図2)。生物実験というノイズの影響の大きな複雑系のデータに対して効果的な統計評価の方法により、システムを形成するネットワークを理解します。
- 2) 遺伝子発現やその制御因子である転写因子の結合性およびヒストン修飾状態のゲノムワイドな大規模データのクラスタリング、ベイズ因子などの統計解析を用いた特徴抽出にもとづくネットワーク分析を行います(図2)。生物実験というノイズの影響の大きな複雑系のデータに対して効果的な統計評価の方法により、システムを形成するネットワークを理解します。

(図1)

花弁サイズの系統集団解析

シロイヌナズナの異なる系統(〜1,800)

系統ごとに子葉および花弁を透明化

機械学習による面積の自動測定

細胞数、細胞サイズの自動的定量測定

自動化

自動化

(図2)

RNA-seq

ChIP-seq

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network

Network



教授 伊藤 寿朗

准教授 山口 暢俊

助教 白川 一

助教 和田七夕子



itot@bs.naist.jp

主な発表論文・著作・受賞など

1. Yamaguchi et al., Nature Commun., 12, 3480, 2021
2. Shirakawa et al., Front. Plant Sci., 12, 634068, 2021
3. Wang et al., Front. Plant Sci., 11, 600726, 2020
4. Lee et al., Front. Ecol. Evol., 7, 437, 2019
5. Sun et al., Plant Cell, 31, 1488-1505, 2019
6. Wu et al., Plant, Cell & Environment, 42, 2198-2214, 2019
7. Yamaguchi et al., Nature Commun., 9, 5290, 2018
8. Xu et al., EMBO J., 37, e97499, 2018
9. Uemura et al., Plant Reprod., 31, 89-105, 2018
10. Yamaguchi, Huang et al., Nature Commun., 8, 1125, 2017
11. Sun et al. Science, 343, 1248559, 2014
12. Ito et al. Nature, 430: 356-360, 2004

研究室で身につくスキル

バイオオミクスデータ解析力 画像解析力 プレゼンテーション能力

求める学生像

植物が好きで探究心を持つ人

卒業生の主な進路先

シキボウ株式会社、住友ゴム工業、森下仁丹株式会社、タキイ種苗株式会社、日本コーンスターチ株式会社、亀田製菓株式会社、ケンコーマヨネーズ株式会社、株式会社おやつカンパニー、日本製紙株式会社、株式会社ノエビア、NTT西日本、The Procter & Gamble Company, Alibaba Group Holding Limited (Senior Algorithm Engineer)などの企業 中国の南京大学、南京農業大学、湖南科学技術大学、シンガポールの共和理工学院などの大学教員



研究室HP



Keyword

転写制御

エピジェネティクス

オミクス

イメージング

時空間定量計測

植物生理学

植物の体内時計(概日時計)が機能する仕組みの解明とその意義の解明。



教授 遠藤 求

助教 久保田 茜

助教 高橋 望



endo@bs.naist.jp

Twitter

@endolaboratory

研究室HP



Keyword

概日リズム

数理モデリング

時系列解析

研究・教育の概要

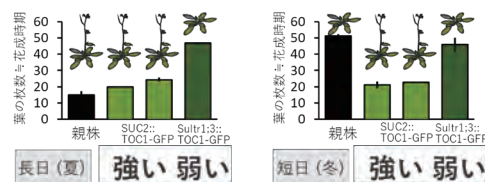
ヒトを含めた哺乳類だけでなく、昆虫、植物、カビ、シアノバクテリアに至るまで、地球上の多くの生物は体内時計(概日時計)をもっています。移動できない植物ではとくに、周囲の環境変化を予測しそれに備えることは生存戦略上とても重要です。

私たちの研究室では、ホタルの発光メカニズムを利用した半自動計測や定量的RT-PCRによる遺伝子発現解析によって植物の概日リズムを実験的に計測すると共に、数理モデルによるシミュレーション、二部グラフマッチングを利用した時系列データの再構成、データマイニングなどを通じて、数理解析および情報科学的な解析も行っています。これらの解析を統合することで、概日リズムがどのように生みだされているのか、また植物がそうしたリズムを持つことでどのようなメリットがあるのかを明らかにしようとしています。

主な研究テーマ

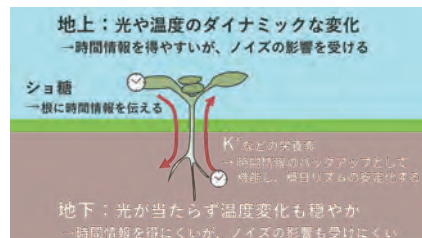
概日時計 × ○○○をキーワードに、植物が示すあらゆる現象を時間の観点から明らかにしようとしています。現在は、

- (1) 植物がどのようにして季節を感じ、花を咲かせるタイミングを決めているのか(図1)
- (2) 脳や血管・神経を持たない植物は、どのようにして細胞同士で時間情報を共有しているのか(図2)
- (3) 光や温度を変えた時の応答や時差ボケに対する応答(植物も時差ボケします)から、植物の体内時計のメカニズムを解明するなどを行っており、そのそれぞれに数理生物学的・情報科学的な解析が含まれています。



(図1) 時計遺伝子の発現量を変えることで、植物は夏と思ったり冬と思ったりする

時計遺伝子TOC1を維管束(師管)で強く発現させると、夏の条件でも冬の条件でも夏と同じようなタイミングで花を咲かせる。逆にTOC1を維管束で弱く発現させると、いずれの条件でも冬と同じようなタイミングで花を咲かせる。現在は、植物は概日時計を用いてどのように季節を認識しているかを明らかにしようとしている。



(図2) 数理モデルおよび実験より明らかになりつつある、地上部と根との間の時間情報伝達の意義

地上部では光や温度の情報を利用することで、概日リズムは適切な調節されている。しかし、突発的なノイズの影響も強く受けるため、リズムは安定しない。地下部では光や温度の情報を利用しづらいため、単独では安定的なリズムを維持しにくい。地上部と地下部の両者の時計が結合することで、地上部では安定的な概日リズムを維持できるようになり、植物はより大きく生長することが出来る。

主な発表論文・著作・受賞など

1. Haraguchi K, Torii T, Endo M. (2020) Maximum weighted matching with few edge crossings for 2-layered bipartite graph. *Discrete Applied Mathematics* 287, 40-52.
2. Torii K, Kubota A, Araki T, Endo M. (2020) Time-Series Single-Cell RNA-Seq Data Reveal Auxin Fluctuation during Endocycle. *Plant Cell Physiol.* 61(2), 243-254.
3. Chen WW*, Takahashi N*, et al. (2020) A mobile ELF4 delivers circadian temperature information from shoots to roots. *Nature Plants.* 6(4), 416-426. † co-first author
4. Song YH, Kubota A, et al. (2018) Molecular basis of flowering under natural long-day conditions in Arabidopsis. *Nature Plants.* 4(10), 824-835. † co-first author
5. Shimizu H, Katayama K, Koto T, Torii K, Araki T, Endo M. (2015) Decentralized circadian clocks process thermal and photoperiodic cues in specific tissues. *Nat Plants.* 1, 15163.
6. Endo M, Shimizu H, Nohales MA, Araki T, Kay SA. (2014) Tissue-specific clocks in *Arabidopsis* show asymmetric coupling. *Nature.* 515(7527), 419-422.
7. 上本 恭平 第27回 日本時間生物学会 ベストポスター賞
8. 久保田 茜 第25回 日本時間生物学会 ベストポスター賞
9. 鳥井孝太郎 第25回 日本時間生物学会 ベストポスター賞

研究室で身につくスキル

周期性を持つ時系列解析について、学外の専門家と連携しつつ、学ぶことができます。概日リズムは挙動が三角関数で近似しやすい、比較的簡単に多くの時系列データが得られる、など情報科学的な解析に有利な題材です。実験科学と計算機科学を融合させた研究を展開することで、融合領域において活躍できる人材になれるでしょう。また、新しい計測方法や解析手法の開発にも積極的に取り組んでいますので、0から1を生み出す能力を身につけたい人には向いていると思います。

求める学生像

植物や時間生物学の経験者は多くありませんので、そうした専門スキルは求めません。植物の不思議を「不思議」で終わらせず、明らかにしたいと思える人材であれば、どんなバックグラウンドでも大歓迎です。とくに、実験も解析もどちらもやってみたい、という人を求めています。

卒業生の主な進路先

理化学研究所、日立、大日本スクリーン、構造計画研究所、トヨタ自動車、りそな銀行、雪印メグミルク、杏コーポレーション、シノプス、ペイカレント・コンサルティング、他



植物免疫学

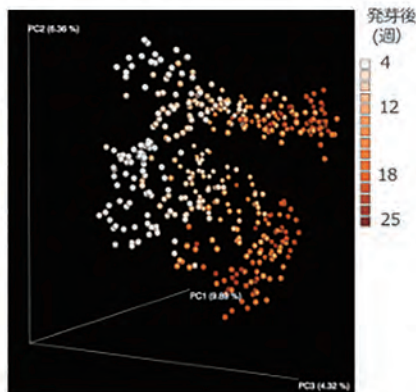
グリーンバイオでデータサイエンスを進めよう！

いま、生命科学分野やバイオ産業ではデータサイエンティストが足りなくて困っています。Sustainable Development Goals (SDGs) に向けて、食料生産や環境保全に生物学データをいかにして活用していくか、それが問題です。バイオインフォマティクスを越えて、データサイエンスを通した新しい共生生物学や情報科学を進めていくことで、次代を担うバイオデータサイエンティストになりませんか。

▲ 主な研究テーマ

植物共生マイクロバイオームのデータサイエンス

植物は、多数の微生物集団（マイクロバイオーム）と「持ちつ持たれつ」の共生関係を築くことで生命活動を維持しています。データサイエンスの活用・開発を通して植物の生育を最適化する共生マイクロバイオームの実態解明や、そのデザインングを進めていきます。（情報科学領域計算システムズ生物学研究室との共同研究）



植物の共生マイクロバイオームの実態調査と成立原理の解明

▲ 主な発表論文・著作・受賞など

(ひとりで学べる) 実践Rケモ・マテリアル・データサイエンス ～付録Rスクリプト付き～
金谷 重彦 他 著 発行：(株) シーエムシー・リサーチ

▲ 研究室で身につくスキル

生物学データを活用したデータサイエンス、最新の深層学習、グラフ構造を活用した深層学習を通したデータマイニング。

▲ 求める学生像

バックグラウンドを問わず、やる気があれば大歓迎。バイオインフォマティクスさらにデータサイエンスに興味があり、生命科学との架け橋になってやろうと思う方、大歓迎。バイオサイエンスは研究をしながら勉強すればOK（希望すれば、基礎的な分子生物学実験スキルも習得できます）。

▲ 卒業生の主な進路先

花王、東京応用化学工業、アジレントテクノロジー、住友化学、NTT、東芝、JT、住江織物、農研機構、 その他。



教授 西條 雄介

助教 館田 知佳

助教 2022年度着任予定

共生生物学データサイエンス (情報科学領域計算システムズ生物学研究室、金谷重彦教授、小野直亮准教授、Md-Altaf-Ul-Amin准教授との共同研究)



saijo@bs.naist.jp

研究室HP



Keyword

環境微生物

植物共生マイクロバイオーム

データサイエンス

植物二次代謝

植物代謝の種間多型と機能分化および環境応答代謝変動解析



准教授 峠 隆之

助 教 小牧伸一郎

tohge@bs.naist.jp

研究室HP



Keyword

細胞内局在代謝フラックス

種間比較ゲノム解析

環境と代謝のゆらぎ

ストレス代謝応答変動のモデリング

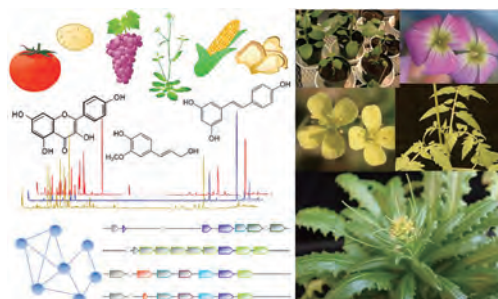
研究・教育の概要

植物は、多種多様な化学構造を有する二次(特化)代謝物を産生します。多くの二次代謝物は様々な生物活性が有するため、医薬品や化粧品の原料として用いられる有用成分です。一方で、それらの多くが植物内で環境ストレス防御物質として重要な働きを示すことが知られています。植物がこのような多様な生理活性物質を産生するようになったのは、生合成経路に関わる遺伝子が、進化の過程で機能遺伝子の機能獲得・欠損を繰り返し、外部環境に順応できるように選択された結果だと考えられています。私たちの研究室では、自然界に広く存在する植物二次代謝物の構造多様性やストレス代謝応答変動について、オミクス統合データや種間比較ゲノムデータなどのビッグデータについて、判別分析による多変量解析や代謝変動相関についての数理モデリング構築を行い、有用代謝物の産生に関わる遺伝子群の特定や代謝システムの解明を行っています(図1)。

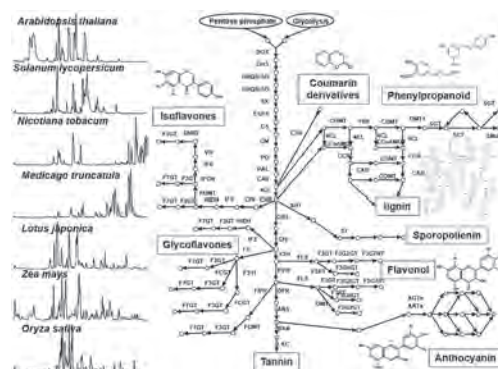
主な研究テーマ

現在までに数多くの植物種のゲノム配列の解読が完了していますが、産生される二次代謝物の化学構造とその制御機構は非常に複雑(図2)で、遺伝子やタンパク質の配列情報から産物を予測するのは困難です。また、ストレス防御時にのみ産生される代謝物や、特定の器官でのみ産生・蓄積されるもの、また同じ植物種内での自然変異遺伝子多型の違いにより産生される代謝物を含めた生合成経路の全体像については、ほとんど明らかになっていません。私たちはゲノム配列などの情報をもとに、モデル植物・作物や薬用植物を対象に、様々な組織や自然変異体などについて、質量分析計を用いた代謝物分析や網羅的遺伝子発現解析から得られたビッグデータを用い、有用成分の生合成経路の全体像を解明しています。さらに、相関ネットワーク解析、判別分析による多変量解析、量的形質座位(QTL)解析やゲノムワイド関連解析(GWAS)などを用いてオミクス統合解析を行い、新規遺伝子機能の解明研究を行っています。また、植物二次代謝物の構造多様性を生み出す要因となっている遺伝子の多くは、新機能分化領域と呼ばれる比較的最近の進化過程で発生したゲノム領域由来、もしくは生合成遺伝子クラスター由来であると考えられており、このようなゲノム領域の種間比較ゲノム解析を行うことで、有用な機能遺伝子群を発見できると考えています。また、生合成経路の発生と種分化との関連性、および植物種の進化過程の軌跡の解明に着目した研究にも取り組んでいます。

ストレス代謝応答変動データを用いた数理モデリングの構築を目的として研究も行っています。例えば、がん抑制成分として注目されているグルコシノレート類は、硫黄や窒素の不足した欠乏土壌では、産生能が低くなることが知られています。また、抗酸化物質として知られるフラボノイド類は、紫外線ストレス下で高蓄積することが知られています。様々なストレス条件下における一次代謝・二次代謝経路の関連性解析および回帰的数理モデリングの構築を行うことで、有用物質産生の安定、マーカー代謝物や追肥時期のモデル化を目指し、詳細な代謝システムの解析を行っています。



(図1) 様々な植物や作物を用いた植物代謝のオミクス統合解析



(図2) 主要植物二次代謝経路の一つであるフェニルプロパノイド生合成経路

主な発表論文・著作・受賞など

1. Zhan et al., *Nat Plants*, 12, 1447, 2020
2. Ferrari et al., *Nat Commun*, 10, 737, 2019
3. Fabregas et al., *Nat Commun*, 9, 4680, 2018
4. Peng et al., *Nat Commun*, 8, 1975, 2017
5. Tohge et al., *Nat Commun*, 7, 12399, 2016
6. Li et al., *Nat Commun*, 7, 13026, 2016
7. Bolger et al., *Nat Genet*, 83, 686-704, 2015
8. Wang et al., *Nat Biotechnol*, 32, 1158-1165, 2014
9. Djamei et al., *Nature*, 478, 395-398, 2011
10. Highly Cited Researchers 2014-2021 in Clarivate Analytics, Takayuki Tohge

研究室で身につくスキル

網羅的遺伝子発現や代謝変動データなどの生体ビッグデータの解析スキル、回帰モデルの構築、相関ネットワーク解析、植物科学の知識、質量分析機器などに関する知識や使用スキルなど

求める学生像

植物が好きの方、情報科学スキルを植物科学分野で応用展開したい学生、情報生命科学の新しい融合分野にチャレンジしたい方、論理パズルが好きなお方など。

卒業生の主な進路先

丸大食品、小野薬品、サラヤ、朝日インテック、奈良県公務員、山陽色素、新日本化学など

分子医学細胞生物学

深層学習と細胞生物学の融合による細胞運命予測と応用

研究・教育の概要

細胞の形態は、細胞膜の裏打ちを行う主にアクチン細胞骨格やアクチン細胞骨格に相互作用するタンパク質により決定されている。本研究では、アクチン細胞骨格制御因子などの細胞画像を大量に取得し、深層学習に供することで、細胞の分子群の局在変化を予測する。次に、この局在変化の予測モデルから病態の発症や細胞機能などに関連する細胞の運命を予測する。

主な研究テーマ

生命科学における顕微鏡を用いた細胞生体分子の局在やその動態の解析は、それぞれの研究者が直接顕微鏡観察を行うことや、顕微鏡画像を研究者がそれぞれ独立に判別することによってなされてきた。さらには、細胞の観察のための顕微鏡画像は、一般的にはシグナルノイズ比が悪く、また、取得条件が一定ではない。このため、研究者間での観察結果の解釈の振れ幅が大きく、しばしば、再現性などの問題を引き起こし、一方で、顕微鏡画像の解析の情報科学との融合を限定的にとどめている。コンピュータを用いた顕微鏡画像は、経験に基づいた特徴量抽出などを必要するために、研究者が個別に行う分子の局在の同一性の解析や分布の解析などに限られ、細胞のカウントや輪郭抽出すら困難であった。

2014年にコンピュータを用いた画像解析技術の一つとして、U-netに代表される畳み込みニューラルネットワークを用いた深層学習におけるアルゴリズムが発表された。このアルゴリズムでは、多数の学習（教師）データから、精度の高い予測器を作成することが可能であり、シグナルノイズ比の悪い画像（例えば、通常の細胞観察で用いる位相差顕微鏡画像）を用いても画像内の細胞などの対象を認識し、認識結果を塗り分けた画像（属性ごとに分割：Semantic Segmentation）として提出することができる。これ以降、様々な分野において爆発的な深層学習による画像予測の適用が進められている。

現在の深層学習アルゴリズムによる学習では、細胞の輪郭抽出を行う場合、通常の細胞画像と、教師データとして与えた細胞輪郭の画像（分割の答え）の間の関係の学習から、細胞の輪郭抽出を行う予測器を作成する。この予測器を、新規の画像に適用すると、細胞の輪郭抽出が可能となる。関連するタンパク質の局在を示す画像をそれぞれ学習させ、予測器を作成すると、あるタンパク質の局在から、関連するタンパク質の局在を推定した画像の作成を行うことができることを見出した。例として行った実験では、アクチン繊維と、アクチン繊維の部分構造であるラメリボディアに局在するタンパク質（WAVE2）の画像を学習させると、アクチン繊維の画像からWAVE2の局在を推定できる予測器を作成することができることがわかった（図）。この原理による予測器の作成は、画像間の関係性を学習するために、異なる分子の局在や画像分割のみならず、時間発展する画像間の関係（すなわちタイムラプス画像における細胞の振る舞いの予測）を解析することも同様に可能であると考えられる。このような複数の分子局在画像間の相互関係の推定により二つの可能性が示される。

1. 分子局在を指標にした予測器は、その分子でラベルされる細胞構造が推定可能であることを意味する。限られた観察データから細胞の部分構造あるいは、部分構造の時間発展を推定する（すなわち運命予測）技術の開発が可能であると考えられる。
2. 局在の推定可能性は、推定する画像を再構成するために必要な情報が含まれていることを示す。したがって、予測器が推定できなかった局在から、新たな分子機能などの知識発見の可能性がある。また、薬剤処理などによって、学習データに見られる関係が崩れたこと（＝細胞の形態の変化）を研究者の経験によらずに同定できる可能性がある。

これらの目標を実現することで、顕微鏡画像から細胞の形状の変化や付随する性質の変化、また、部分構造を、研究者の経験によらずに定量的に同定また発見、さらに予測する方法論の確立を目指す。

主な発表論文・著作・受賞など

1. Osuga, M. et al., Molecular Biology of the Cell, mbcE21010044, 2021
2. Shigene, K., et al., Frontiers in Cell and Developmental Biology, 9, 635231, 2021
3. Hu, HT., et al., STAR Protocols, 2, 100625, 2021
4. Snider, CE. et al., Trends in Cell Biology, 31, 644-655, 2021
5. Nishimura, T. et al., Developmental Cell, 56, 842-859, 2021
6. Gusmira, A. et al., Journal of Cell Science, 2020, 133, jcs246785
7. Kitamata, M. et al., Genes to Cells 25, 187-196, 2020
8. Hanawa-Suetsugu, K., et al., Nature Communications, 10, 4763, 2019
9. Kitamata, M. et al., iScience 17, 101-118, 2019
10. Tachikawa, M. et al., Sci Rep, 7, 7794, 2017
11. Senju, Y., et al., Journal of Cell Science, 125, 2766-2780, 2015
12. Takahashi et al., Nature Communications, 5, 4994, 2014
13. Suetsugu, S. et al., Physiological Reviews, 94, 1219-1248, 2014
14. Suetsugu, S. and Gautreau, A., Trends in Cell Biology, 22, 141-150, 2012
15. Senju, Y., et al., Journal of Cell Science, 124, 2032-2040, 2011
16. Takano, K., et al., The EMBO journal, 27, 2817-2828, 2008
17. Shimada, A., et al., Cell, 129, 761-772, 2007
18. Takenawa, T. and Suetsugu, S., Nature Reviews. Molecular Cell Biology, 8, 37-48, 2007
19. Suetsugu, S., et al., Journal of Biological Chemistry, 281, 35347-35358, 2006

研究室で身につくスキル

機械学習、プログラミング、生物学・医学・薬学の基礎知識と実験の実際

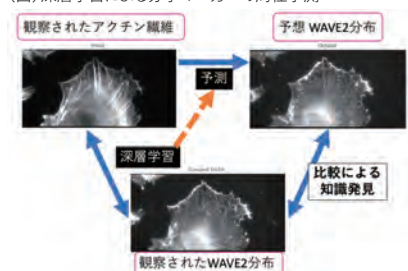
求める学生像

生物医学分野と情報学の両方に精通した人材は限られていますが、需要は高いです。特に情報学的な解析の隠れたボトルネックとなる生物医学データの実際に精通し、かつ、情報学を理解した人材は限られています。そのような人材を目指す方を歓迎します。

卒業生の主な進路先

この分野には4人の学生が従事しており、うち博士課程3名、この分野の卒業生はまだいません。

(図) 深層学習による分子マーカーの局在予測



教授 末次 志郎

助教 西村 珠子

助教 稲葉 岳彦



suetsugu@bs.naist.jp

研究室HP



Keyword

深層学習

画像分類

画像生成

細胞生物学

RNA分子医科学

RNA分子を介した遺伝子発現制御機構やその破綻が疾患に結びつく機構の研究



教授 岡村 勝友

助教 島本 廉

助教 椎森 仁美



okamura@bs.naist.jp

Twitter

@lab_okamura

研究室HP



Keyword

遺伝子発現制御

ゲノミクス

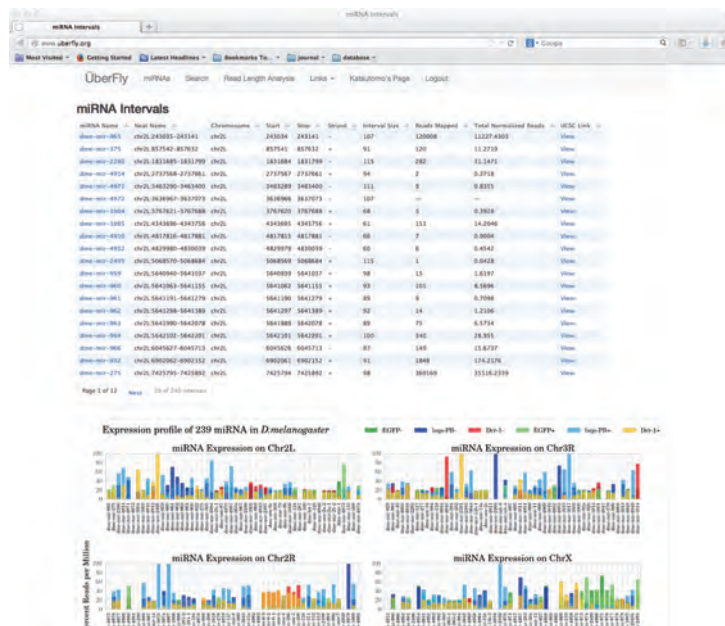
データ可視化ツール開発

研究・教育の概要

人間の遺伝情報のほとんどは、約30億の塩基対からなるDNAの配列として書き込まれています。30億という途方もない数と思いますが、現在の技術ではその配列全てを数日以内にわずかなコストで決定できます。本研究室のPIは次世代シーケンズ技術の黎明期に網羅的遺伝子探索を目指した国際プロジェクト、modENCODEに携わり、分子生物学が『職人たちの手作業』から『コンピューターを使った自動化と大量のデータ解析』へ移行した時期を体験してきました。現在では、このようなゲノムデータ解析技術が基礎生物学のみでなく、遺伝子解析を用いた医療や診断を含め様々な分野に応用されています。本研究室では、これらの技術を『RNA分子を介した遺伝子発現制御機構』を中心とした研究に用いており、このような研究経験を介してゲノミクスデータの解析を基礎から学ぶことができます。現在、バイオインフォマティクス人材（＝大量のゲノミクスデータに隠されている重要な情報を見出すことのできる人）は世界的に不足しています。私たちの研究室は応用分野または基礎研究分野で将来活躍できるバイオインフォマティクス人材の養成を目指しています。

主な研究テーマ

私たち生物の形づくりや体質などの大部分は遺伝情報としてゲノムDNA上に書き込まれています。テクノロジーの進歩によりゲノム上にどのような遺伝子が存在しているかは、ほぼ明らかになりました。現在の大きな課題は遺伝子から作られる産物（タンパク質やRNA）がどのような遺伝子発現制御ネットワークを形成し、生命現象の制御を行っているか明らかにすることです。私たちの研究室では特にmicroRNA(miRNA)と呼ばれる遺伝子群に注目し、遺伝子発現制御機構の解明を目指しています。多くの疾患は遺伝子発現の異常が原因となっており、遺伝子発現制御機構の解明は疾患の原因究明、治療法の開発のほか、ゲノム情報を用いた精密医療の発展にも寄与すると期待しています。現在は『miRNA発現制御機構』『小分子RNA生合成経路の多様性の理解』という2つの側面から研究を進めています。いずれのテーマも、古典的な生化学や遺伝学な技術に加えバイオインフォマティクス解析や画像解析など、様々な技術を組み合わせて研究を進めています。



(図) 過去に本研究室で開発された遺伝子発現データ可視化ツールの例

主な発表論文・著作・受賞など

発表論文

1. Eling Goh and Katsutomo Okamura. (2019) Hidden sequence specificity in loading of single-stranded RNAs onto *Drosophila* Argonautes. *Nucleic Acids Research*.
2. Li Zhou*, Mandy Y.T. Lim*, et al. (2018) Importance of miRNA stability and alternative primary miRNA isoforms in gene regulation during *Drosophila* development. *eLife*
3. Mandy Y.T. Lim*, Alvin Wei Tian Ng*, et al. (2016) The *Drosophila* Dicer-1 partner Loquacious enhances miRNA processing from hairpins with unstable structures at the dicing site. *Cell Reports*
4. Li-Ling Chak, et al. (2015) A deeply conserved, non-canonical miRNA hosted by ribosomal DNA. *RNA*
- The modENCODE consortium et al. (2010) Identification of Functional Elements and Regulatory Circuits by *Drosophila* modENCODE, *Science*
5. Katsutomo Okamura et al. (2008) The *Drosophila* hairpin RNA pathway generates endogenous siRNAs. *Nature*

著書

1. *Methods in Molecular Biology "Argonaute Proteins"* (Springer, 2017, edited by Katsutomo Okamura and Kotaro Nakanishi)
2. 核酸科学ハンドブック 1 1.4 節『小分子RNA』島本廉、岡村勝友

研究室で身につくスキル

次世代シーケンズデータ解析、遺伝子発現解析

構造生命科学

生体分子の構造と機能発現

研究・教育の概要

生命現象には様々なタンパク質が関わっています。これらが織りなすダイナミックな構造変化に起因する分子メカニズムを原子レベルで明らかとすべく、新たな研究手法を組み合わせた構造生物学的解析による基盤研究を行なっています。近年、遺伝情報や構造解析で得られるデータが膨大となっており、それらを効率よく処理するなどして、新しい知見を見出します。

主な研究テーマ

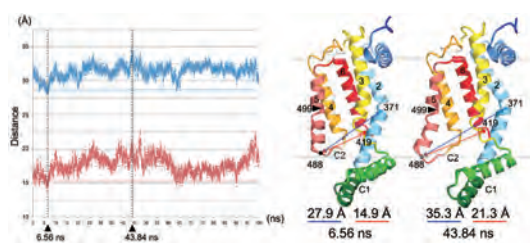
私たちの研究の流れを図1に示します。はじめにタンパク質の構造を原子レベル、分子レベルで明らかにします。詳細な構造を得ることができれば、一気に視界がひらけ、解析対象のタンパク質がどのように機能しているかについて多くの情報を得ることが出来ます。このことが構造の詳細を知ることの最大の利点です。次に、構造情報から考えられる作業仮説を、機能解析などを行うことで検証していきます。構造生命科学ではin vivo, in vitroの機能解析を除く多くの解析において、計算機を使うことが多く、情報科学領域とは親和性の高い分野です。

遺伝子の情報はDNAに塩基A, C, G, Tの4つが直鎖状になったポリマーとして保持されており、デジタルデータとして取り扱うことができるため、バイオインフォマティクス解析が急速に発展しています。タンパク質は、この遺伝情報に基づく20種類のアミノ酸が直鎖状となったポリマーであり、それが折り畳まれてある一定の3次元構造をとることによって生体内で機能します。わずか10個のアミノ酸がポリマーとなるだけで、その種類は 20^{10} (約 1.0×10^{13}) 種類となります。この多様なタンパク質の立体構造を正確に得るためには、直接タンパク質の3次元構造を解き明かすしか方法はないのですが、近年のディープラーニングの進展によりAlphaFoldが高い精度でタンパク質構造予測できるようになり、世界中でAlphaFoldを用いた応用研究が進められています。私たちはこのような新しい技術も取り入れながら、特にモータータンパク質や輸送タンパク質がどのように構造変化し機能するのかについて、特に興味をもち解析を進めています。また、最新のX線結晶構造解析・クライオ電子顕微鏡構造解析・高速原子間力顕微鏡解析では画像処理を含むデータの解析や、タンパク質の構造をin silicoで扱う分子動力学計算(MDシミュレーション)(図2)の解析を行うなど、多角的にタンパク質の機能発現の分子メカニズムを解明しています。

(図1) 研究のながれ



(図2) 100nsのMDシミュレーションの解析例。膜タンパク質の構造変化を見いだした。



主な発表論文・著作・受賞など

1. Tanaka Y, Yoshikaie K, Takeuchi A, Ichikawa M, Mori T, Uchino S, Sugano Y, Hakoshima T, Takagi H, Nonaka G and *Tsukazaki T. Crystal structure of a YeeE/YedE family protein engaged in thiosulfate uptake. *Sci. Adv.* 6, eaba7637 (2020).
2. Furukawa A, Yoshikaie K, Mori T, Mori H, Morimoto VY, Sugano Y, Iwaki S, Minamino T, Sugita Y, Tanaka Y and *Tsukazaki T. Tunnel Formation Inferred from the I-Form Structures of the Proton-Driven Protein Secretion Motor SecDF. *Cell Rep.* 19, 895-901 (2017).
3. Tanaka Y, Sugano Y, Takemoto M, Mori T, Furukawa A, Kusakizako T, Kumazaki K, Kashima A, Ishitani R, Sugita Y, *Nureki O and *Tsukazaki T. Crystal Structures of SecYEG in Lipidic Cubic Phase Elucidate a Precise Resting and a Peptide-Bound State. *Cell Rep.* 13, 1561-1568 (2015).
4. Kumazaki K, Chiba S, Takemoto M, Furukawa A, Nishiyama K, Sugano Y, Mori T, Dohmae N, Hirata K, Nakada-Nakura Y, Maturana AD, Tanaka Y, Mori H, Sugita Y, Arisaka F, Ito K, Ishitani R, *Tsukazaki T and *Nureki O. Structural basis of Sec-independent membrane protein insertion by YidC. *Nature* 509, 516-520 (2014).
5. Tsukazaki T, Mori H, Echizen Y, Ishitani R, Fukai S, Tanaka T, Perederina A, Vassilyev DG, Kohno T, Maturana AD, Ito K and Nureki O. Structure and function of a membrane component SecDF that enhances protein export. *Nature* 474, 235-238 (2011).
6. Tsukazaki T, Mori H, Fukai S, Ishitani R, Mori T, Dohmae N, Perederina A, Sugita Y, Vassilyev DG, Ito K and Nureki O. Conformational transition of Sec machinery inferred from bacterial SecYE structures. *Nature* 455, 988-991 (2008).

研究室で身につくスキル

構造解析に関するデータ解析と画像処理、分子動力学計算による生体分子の解析、バイオインフォマティクス解析

求める学生像

生体分子の構造に興味がある人、遺伝情報に興味がある人など

卒業生の主な進路先

協和キリン、日本総合研究所ほか



教授 塚崎 智也

助教 宮崎 亮次

助教 北野 健



ttsukaza@bs.naist.jp

Twitter

@TsukazakiL

研究室HP



Keyword

バイオインフォマティクス

X線結晶構造解析

クライオ電子顕微鏡構造解析

遺伝子発現制御

発生生物学を中心にダイナミックな生命現象の分子メカニズムを明らかにする



教授 別所 康全

准教授 松井 貴輝

助教 秋山隆太郎

助教 北川 教弘

助教 稲葉 泰子



ybessho@bs.naist.jp

研究室HP



動画サイト



Keyword

発生生物学

形態形成

遺伝子発現制御

ゼブラフィッシュ

マウス

研究・教育の概要

ヒトをはじめとする多細胞生物のからだは、遺伝子（ゲノム）／代謝／細胞／細胞社会／器官／個体といった階層構造をとっています。細胞外の情報をもとに、細胞は遺伝子・代謝ネットワークを使ってゲノム情報を読み出し、その結果として分化や分裂、運動などの細胞のふるまいが制御されます。細胞は相互に情報交換を行ない、細胞集団の大きさ、細胞数、かたちなどを感知し、遺伝子・代謝ネットワークのレベルに情報をフィードバックすることによって、形づくりに代表される高次生命機能を営んでいると考えられています。私たちは、遺伝子・代謝ネットワーク→細胞のふるまいの方向だけでなく、細胞のふるまい→遺伝子・代謝ネットワークの方向の制御など階層を超えたフィードバック制御を含んだ生物の形づくりのシステムを理解することを目指しています。

主な研究テーマ

体節形成過程をモデル系とした生物時計の研究

脊椎動物の発生中期の構造物である“体節”は椎骨などの繰り返し構造のもとになっており、周期的な分節化によってつくられます。これは遺伝子発現の振動の周期を使って制御されています。私たちはこの生物時計の分子メカニズムを明らかにしてきました。細胞の遺伝子発現の振動、すなわち生物時計は細胞間で同調して働いています。私たちは細胞が相互に作用して生物時計が同調するしくみを明らかにしようとしています。遺伝子変異などでこのメカニズムが破綻すると奇形の発生率が高まると考えられるので、奇形を予防する方法の開発につながります。

発生過程の細胞移動に注目した細胞の社会的ふるまいの研究

動物の発生過程では、細胞は複雑に移動し、相互に作用しながら集合し、正確な大きさ、かたちを持つ組織や器官が形成されます。ゼブラフィッシュの胚は透明であることなどから細胞移動やシグナル活性などのライブイメージングに適した系です。私たちはゼブラフィッシュを用いて細胞の社会的ふるまいを明らかにし、組織や器官のかたちと大きさが決定される原理の解明に取り組んでいます。特に、水流や水圧を感じる側線器官の発生と再生、内臓のもとになる内胚葉細胞の集団移動、表皮が傷を受けたあとに傷を修復する仕組み、左右軸を決定するクッペル細胞の発生の仕組みと大きさの制御など、多くの生命現象の仕組みを明らかにすることに取り組んでいます。臓器や器官の再生医療の基礎となる研究をおこなっています。

主な発表論文・著作・受賞など

1. Karaiwa, A. et al., Genes to cells, 25, 582, 2020
2. Naoki H et al., PLoS Computational Biology, 15, e1006579, 2019
3. Sari DWK, et al., Scientific Reports, 8, 4335, 2018
4. Akiyama R. et al., Development, 141, 1104, 2014
5. Retnoaji B et al., Development, 141, 158, 2014
6. Matsui T. et al., Development, 139, 3553, 2012
7. Kim W. et al., Mol Biol Cell, 22, 3541, 2011
8. Matsui T. et al., PNAS, 108, 9881, 2011

研究室で身につくスキル

形態形成や遺伝子発現制御などのモデリング、顕微鏡を用いた発生過程のライブイメージング画像の解析

求める学生像

バックグラウンドは問いません。生命現象のモデル化、ライブイメージング画像の解析などの興味のある方を歓迎します。

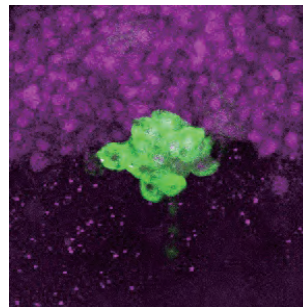
卒業生の主な進路先

大塚製薬、菊正宗、ユニチャーム、アース製薬、東和薬品、奈良県

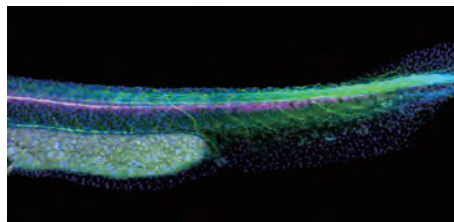
(図1) 脊椎動物の体節は繰り返し構造のプレパターンです。



(図2) 体の左右軸を決めるクッペル細胞はゼブラフィッシュ胚の中で機能的な大きさに形成されます。



(図3) ゼブラフィッシュの体表には水流や水圧を感じる側線器官があります。側線器官原基は胚の表面を集団移動して形成されます。



バイオエンジニアリング

植物等でバイオ医薬品などの有用タンパク質を高生産するための基盤技術開発

研究・教育の概要

バイオテクノロジーによる社会貢献を念頭に、特に植物の遺伝子発現制御機構を理解し、バイオ医薬品などの有用タンパク質を植物で高生産するための基盤技術の開発や、植物の表現型を制御する仕組みの解明を行っています。分子生物学的な実験に加え、バイオインフォマティクスや機械学習なども駆使した研究を展開しています。また、研究室に配属された学生自身が研究を論理的に理解し、知識の裾野を広げ発展させていけるように指導を行っています。定期的な研究室ミーティングに加えて、産業界から研究者・実務者を招き、企業での研究開発に必要な知識を紹介します。これらの指導を通して、世界的に不足しているバイオインフォマティクス分野や低成長・グローバル社会で幅広く活躍できる人材の育成を目指しています。

主な研究テーマ

1) 有用物質の高生産を可能とする人工遺伝子の設計

生命現象は、ゲノムに存在する数万の遺伝子が、いつ、どの組織・細胞で、どの程度の量で、どのような機能として発現するのかによって決められています。そして、このような遺伝子の発現制御の全般を決めているのが、DNAではATGC、mRNAではAUGCとして表現される4塩基の並びです。つまり、有用な遺伝子を生物に導入し医薬品を生産する系を考えた場合、導入する有用遺伝子の4塩基の配列を最適化できれば、生産量を向上させることができます。そのような塩基配列の最適化には3つのステップが重要となります。初めのステップは、次世代シーケンサーと呼ばれる装置を使って、どのような塩基配列がどの程度の量で発現しているのかを網羅的に評価することです。その結果、膨大な塩基配列と発現量のデータ、つまり文字列と数値のデータを得ることができます。次のステップは、文字列と数値のデータの中に存在する関係性を統計的手法や機械学習を用いて解析することです。そして最後のステップでは、解き明かした関係性を基に、有用遺伝子の塩基配列を最適化します。実際には、生命現象の複雑さや、解析手法上の限界、最適化時の制限などのため、発現量を制御する複数の過程について個別に解析を行い、個々の制御過程に特に重要な領域の塩基配列を最適化していくことになります。現在のところ、転写に関わるコアプロモーターの解析や、翻訳効率に関わる5'UTR配列の解析などを精力的に行っています（これらの単語の意味が分からなくても問題ありません）。また、得られた成果については、複数の企業へ技術提供を行い、企業と共同でワクチンタンパク質や成長因子などを高生産する植物の作出を目指しています。

2) 最新の次世代シーケンサーのデータ解析ツールの開発

塩基配列の最適化を実現するためには、十分な質と量のデータを準備する必要があります。近年登場した最新の次世代シーケンサーは、従来とは比べ物にならないほど長い塩基配列を取得することが可能となり、これまでよりも良い質と量のデータを取得することが可能になると期待されています。しかし、塩基の読み間違いが多い、断片化された配列も一定数は混ざってしまうなどの問題もあり、データ処理によっていかに信頼性を向上させるのが課題となっています。加えて、最新手法であるがために、得られた生データを必要なデータへと加工し解析するツールも不足しているのが現状です。そこで我々は、データの信頼性を向上させ、必要なデータを抽出・解析するコマンドラインツールの開発を行っています。

3) 植物の表現型を決める遺伝的要因や環境要因の検出

このテーマでは、開花時期などの植物の繁殖成功にとって重要な形質に焦点を当て、ゲノム配列や遺伝子発現データに基づいて、表現型を制御する遺伝子をゲノム網羅的に検出することを試んでいます。また、検出された遺伝子の発現量や質を解析して、遺伝子型や栽培条件ごとにどのように表現型に関連しているかを明らかにします。野生植物の繁殖成功度を制御する仕組みの理解に加え、作物の品種改良を通して農業分野への貢献も目指しています。

主な発表論文・著作・受賞など

1. Ueno D. et al., BMC Bioinform., 22, 380, 2021
2. Matsui T. et al., Plant Biotechnol., 38, 239-246, 2021
3. Ueno D. et al., Plant Cell Physiol., 62, 143-155, 2021
4. Ueno D. et al., Plant Cell Physiol., 61, 53-63, 2020
5. Shah N. et al., Nat. Commun., 11, 253, 2020
6. Yamasaki S. et al., Plant Biotechnol., 35, 365-373, 2018
7. Ueno D. et al., J. Biosci. Bioeng., 125, 723-728, 2018

研究室で身につくスキル

社会のニーズや諸問題が高度化し、複雑化している現在、幅広い視野・知識を持った社会人・研究者が求められています。そのためには、専門教育に加えて、人間として備えておくべき倫理観、論理的な思考力、積極的な行動力、総合的な判断力、豊かな言語表現能力を養うことも必要です。当研究室での研究活動により、データマイニングや機械学習、最適化アルゴリズムなどの情報処理技術だけでなく、一般的な分子生物学に関わる知識や技術も学ぶことができます。加えて、創薬や医療、農業、食品など生物を扱う幅広い研究の基礎となる情報を提供している次世代シーケンサーに関する知識、スキルも身につけることができます。また、研究室でのディスカッションや共同研究、国内外の学会発表等を通して、コミュニケーションやプレゼンテーション能力を養うことができます。

求める学生像

学部卒業後、就職するのではなく大学院で更なるスキルアップを目指すという気概が重要です。一般的な生物学の基礎知識は配属後でも勉強できます。Python3でpandas、numpy、scikit-learn、matplotlibなどを用いたプログラミング経験がある人が望ましいですが、例え経験がなくてもバイオインフォマティクスに興味がある人を広く求めています。

卒業生の主な進路先

中外製薬、JFEシステムズ(IT部門)、NEC(IT部門)、岩谷産業、三菱スペースソフトウェア(IT部門)、ユーロフィン、セーレン、マツダ(IT部門)、タカラバイオ、NTTコムウェア(IT部門)、新生銀行(IT部門)、新日本科学PPD (過去4年間)



教授 加藤 晃

助教 山崎将太郎

助教 若林 智美

助教 加藤 壮英



kou@bs.naist.jp

研究室HP



Keyword

遺伝子発現制御

植物等による有用物質生産

バイオインフォマティクス

次世代シーケンサー

塩基配列最適化

機械学習

解析ツール開発

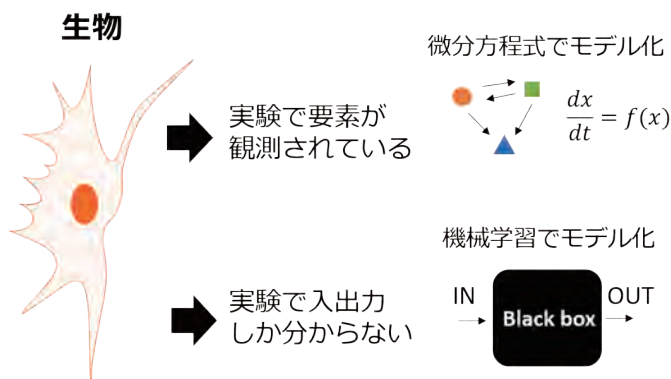


データ駆動型生物学

生物の入出力データから学習により法則を導出

研究・教育の概要

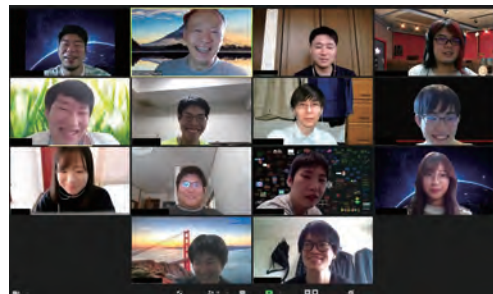
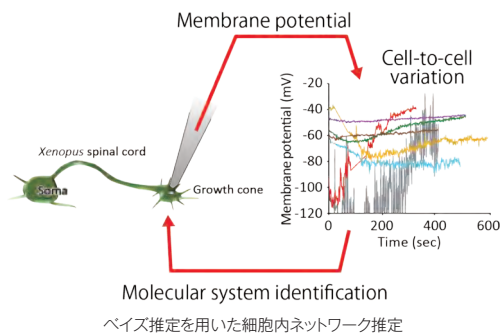
生物は多くの要素の相互作用で機能します。要素が分かっている現象は、相互作用を微分方程式で記述し、実験データを導入して定量的な方程式を確立します。解析学および数値的な解析により、対象の特性を解明します。要素が分かっている現象については、入出力データを用いて分類学習や回帰によって定量的な法則を導きます。確立された法則から要素や原理に関するヒントを抽出します。



(図) 生物現象を数理モデルで表現し、要素からの原理抽出、入出力からの要素推定などを行います

主な研究テーマ

- ・細胞が外部情報を感知して運動や変形情報に変換する原理の解明
- ・ヒトの呼気成分から病気の分類、および重要成分の抽出
- ・実験観測できないものを他のデータから推定する技術開発
- ・定量化が困難な観測データを定量化する技術開発
- ・分子の活性時系列から相互作用の推定



研究室HP



主な発表論文・著作・受賞など

1. Minegishi T, Fujikawa R, Kastian RF, Sakumura Y, Inagaki N, Analyses of Actin Dynamics, Clutch Coupling and Traction Force for Growth Cone Advance, J. Vis. Exp. (176), e63227, doi: 10.3791/63227, 2021.
2. 作村諭一他、においのセンシング、分析とその可視化、数値化、技術情報協会、2020
3. Wong et al, Plant Physiology, 2019
4. 伊藤敏雄他、半導体式ガスセンサによる呼気分析と統計解析、電気化学、電気化学会、2018
5. Yamada et al, Scientific Reports, 2018
6. Okimura et al, Physical Review E, 2018
7. Sakumura et al, Sensors, 2017

研究室で身につくスキル

機械学習一般（分類、回帰） プログラミング 解析学の初歩

求める学生像

抽象化すれば生物が物理的なシステムあるいは入出力を持つ情報機器と同じとみなせる人、大歓迎です。

卒業生の主な進路先

IT系企業

教授 作村 諭一

助教 小鍛治俊也

特任助教 山田 達也

saku@bs.naist.jp

Keyword

分類学習

回帰

特徴選択

微分方程式

制御

5年一貫コース

博士前期・後期課程の標準修業年限（5年）内で一貫した博士研究指導（5年一貫コース）を行うことで、専門領域に関する深い学識、豊かな創造力及び国際的視野を有する人材の育成を行います。なお5年一貫コース学生には、研究指導体制の拡充や経済支援などを優先的にを行い、博士課程の在籍学生として研究に専念できる指導体制を整えます。

5年一貫コースの選択承認時期と支援内容

コース選択時期	支援内容					
	入寮の優遇	予約採用奨学金	在学採用奨学金	研究室配属	副指導増員	経済支援
入学前年12月まで	★	★	★	★	★	★
入学前(3月)まで			★	★	★	★
入学後研究室配属前まで				★	★	★
研究室決定後(5月以後)					★	★

入寮の優遇：学生宿舎への入居希望を優先します。

奨学金：日本学生支援機構の奨学金が優先的に貸与されるよう推薦を行います。

研究室配属：志望する研究室へ優先的に配属（内定）します。

副指導増員：副指導教員は2人以上とします。

経済支援：博士前期課程2年次から、TA/RA 給与による経済的支援を受けられます。



学生支援 学業・研究はもちろん、経済支援も充実

ティーチング・アシスタント(TA)制度の実施

将来、教育者となる意欲と優れた能力を持つ学生に、教育者としてのトレーニングの機会を提供するため、TA制度を設けています。

博士前期課程2年次以上の学生を対象として、教育支援業務に従事させ、指導・教育方法を学ぶことを積極的に推進しています。

2020年度採用実績

307名採用

待遇／年間3～360時間（時給1,234～1,476円）

※担当時間数・時給については、課程・在籍領域により変わります。

リサーチ・アシスタント(RA)制度の実施

将来、研究者となる意欲と優れた能力を持つ学生に、研究者としての研究遂行能力の育成を図るため、RA制度を設けています。

主に博士後期課程の学生を対象として、本学が実施する研究プロジェクト等の推進業務に従事させ、研究活動の効果的推進及び研究体制を充実強化しています。

2020年度採用実績

327名採用

一般的待遇／年間5～1,007時間（時給1,234～2,042円）

※担当時間数・時給については、課程・在籍領域により変わります。

積極的な海外派遣支援

共同研究、寄附金等の外部資金や各種競争的資金、支援財団による助成事業等により、学生が海外の国際学会等において論文（研究）発表するための費用（渡航費、滞在費、海外旅行保険費等）に対する助成や、英語研修や研究活動のために海外の機関への派遣を積極的に行っています。

入学料・授業料免除、入学料徴収猶予

本学では、以下①②の方を対象とし、選考の上、入学料/授業料の全額又は、一部を免除する制度があります。

また、入学料については、徴収猶予の制度もあります。

- ①経済的理由により入学料又は授業料の納付が困難であり、かつ、学業優秀と認められる方
- ②入学前1年以内に、学資負担者が死亡し、又は学生若しくは学資負担者が風水害等の災害を受けたこと等により、入学料又は授業料の納付が著しく困難であると認められる方

奨学金

日本学生支援機構奨学金

学業・人物ともに優秀であり、かつ経済的理由により、修学が困難であると認められる場合には、本人の意願に基づいて選考のうえ、貸与されます。

奈良先端科学技術大学院大学 博士後期課程社会人学生奨学金 (社会人向け)

博士後期課程に在籍する社会人学生に対して奨学金を給付し、修学を支援することにより、優れた人材の育成に資することを目的とする制度です。

入学希望の方のためのイベント

奈良先端科学技術大学院大学バイオサイエンス領域では、博士前期課程と博士後期課程の受験を希望されている方を対象に、以下のような研究室を見学・体験できるイベントを開催しています。

いつでも見学会(オンライン・現地訪問)

受験希望の研究室を見学して、雰囲気・研究内容をぜひ知ってください。ご希望があれば、入試の説明もいたします。研究室との都合が合えば、1日で複数の研究室を見学することもできます。

バイオ塾(年1、2回開催)

実際にご来学いただき、研究室の一員として研究生活を体験いただけます。教員だけではなく、現役大学院生等とも親しく懇談できる機会、自らの将来を考えるうえで参考になると考えています。

長期インターンシップ(春・夏開催)

バイオサイエンス領域で行われている最先端のバイオサイエンス研究を2週間～1ヶ月間にわたって、じっくりと体験していただけます。

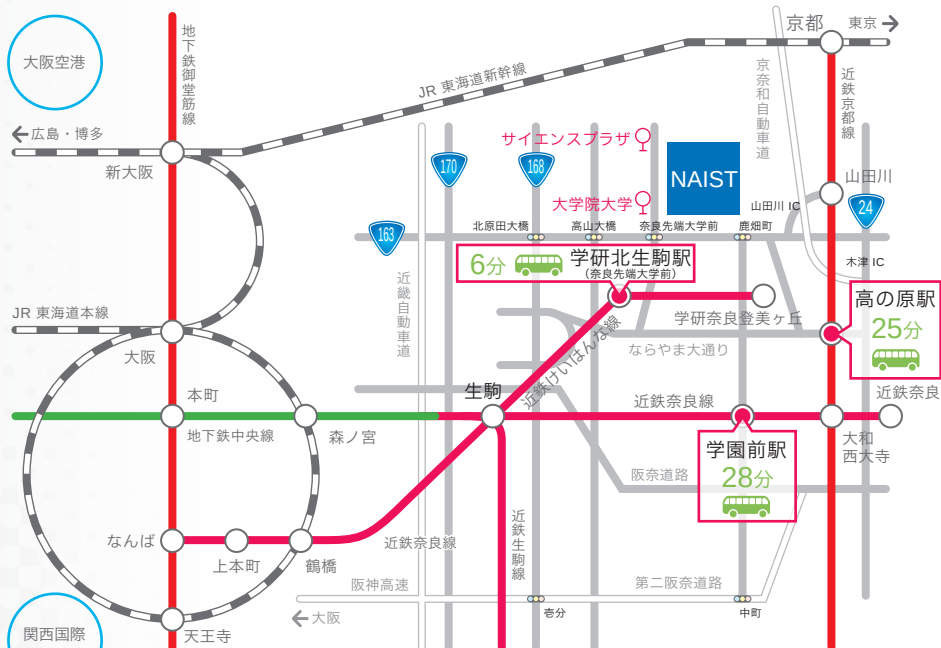
その他、オープンキャンパスや学生募集説明会も実施しておりますので、詳細はホームページをご覧ください。

<https://bsw3.naist.jp/entrance/>



NAIST アクセスマップ

所在地 〒630-0192 奈良県生駒市高山町 8916 番地の 5 (けいはんな学研都市)
バイオサイエンス領域 TEL: 0743-72-5404 E-mail: bs-nyushi@bs.naist.jp



近鉄けいはんな線「学研北生駒駅」・近鉄奈良線「学園前駅」・近鉄京都線「高の原駅」から



奈良交通バス……学研北生駒駅から約 6 分、高の原駅から約 25 分、学園前駅から約 28 分
(高山サイエスタウン行き乗車、「奈良先端科学技術大学院大学」下車すぐ)



学研北生駒駅…… タクシーで約 6 分 高の原駅・学園前駅…… タクシーで約 20 分