

生命ビッグデータをもとに細胞ごとの個性的な振る舞いを予測し再現する

蛋白質研究所 蛋白質ネットワーク生物学研究部門 細胞システム研究室

教授 岡田 眞里子

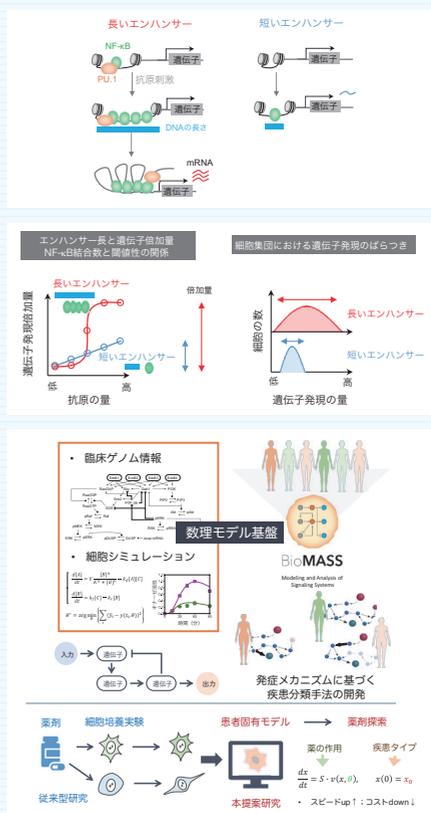


▶ 特徴・独自性

生物学は切手収集と同じと揶揄されることがあります。これは、生物学研究が体系だてていないという考え方に基づいたものです。私もはじめて研究の世界に入った時、なぜこの特定の分子を研究しなければいけないのかという生意気な疑問を持ちました。この疑問が、現在まで続く「細胞システム」研究の原動力になっています。生命の最小単位である細胞では分子同士の反応が常に繰り返されています。このことは生命の恒常性維持の機構として考えられていますが、細胞はある分子が支配的な力を持つというシステムではなく、いっどこで何が何をどうするかといった分子間の協力のバランスから成り立っています。私達はこのような分子のネットワークを生命のビッグデータから計算であぶり出し、その振る舞いを解析することで制御の仕組みを明らかにし、細胞制御に役立てようとしています。最近では、遺伝子に関する何百万の情報の中から、環境変化に対して急峻な免疫応答を起こすのに必要な分子や量を同定し、数理モデルで定式化し、そのメカニズムを明らかにしています。このデータと数理モデルを組み合わせた研究手法は様々な生命の成り立ちやがんなどの疾患の理解に普遍的に利用できると考えています。

▶ 研究の先に見据えるビジョン

近年、生命データはそれまでのアナログ情報からデジタル情報として変換され、公共性の高いものになりました。このようなビッグデータをもとに、疾患発症のメカニズムの規則性を見出し、数理モデルを用いた薬剤探索ができればと考えています。



特許

論文

Michida H, Imoto H, Shinohara H, Yumoto N, Seki M, Umeda M, Hayashi T, Nikaïdo I, Kasukawa T, Suzuki Y, Okada-Hatakeyama M. The Number of Transcription Factors at an Enhancer Determines Switch-like Gene Expression. Cell Reports 31 (9):107724, 2020.
Imoto H, Zhang S, Okada M. A Computational Framework for Prediction and Analysis of Cancer Signaling Dynamics from RNA Sequencing Data—Application to the ErbB Receptor Signaling Pathway. Cancers 12 (10), 2878, 2020.

参考URL

http://www.protein.osaka-u.ac.jp/cell_systems/index_ja.html

キーワード ▶ シグナル伝達、転写制御、免疫応答、数理モデル、予測