

履歴書

森 秀人、博士(学術)

大阪大学 ヒューマン・メタバース疾患研究

E-mail: mori.hideto.prime@osaka-u.ac.jp

GitHub: <https://github.com/ponnhide>

Web: <https://sites.google.com/view/hidetomori>

1994 年 3 月 3 日生 (満 31 歳)



略歴

森は、これまでソフトウェアツール開発を中心に、ゲノム編集や DNA 配列合成を支援する革新的技術の開発に携わってきた。現在は、大阪大学 RPIMe 特任教授の谷内江と共に、細胞の過去の分子動態を DNA 配列へと記録する技術「DNA イベントレコーディング」の開発に取り組んでいる。また、2023 年 10 月から、CREST の研究代表者として「対話型 AI を用いた DNA 配列設計・合成の自動化」のプロジェクトを開始した。本プロジェクトでは、対話型 AI 技術を活用した DNA 配列の設計と合成プロセスの効率化・自動化に取り組んでいる。

学歴

2023 年 3 月博士(学術) 政策・メディア研究科 慶應義塾大学

2018 年 3 月修士(政策・メディア) 政策・メディア研究科 慶應義塾大学

2016 年 3 月学士(環境情報学) 環境情報学部 慶應義塾大学

職歴

2023-現在 大阪大学 特任准教授(常勤)
ヒューマン・メタバース疾患研究拠点 (PRIMe)

2016-2021 東京大学 学術支援職員
先端科学技術研究センター

2018-2019 慶應義塾大学 助教(有期・研究奨励)
政策・メディア研究科

研究歴

2016-現在 ゲノム編集の開発と応用を支援するソフトウェアツール/実験技術の開発
創造的破壊生物学グループ 大阪大学ヒューマン・メタバース疾患研究拠点 (2023~)
谷内江研究室 東京大学先端科学技術研究センター (2016~2021)

- 対話型を AI 用いた DNA 設計・合成の自動化 (2023~現在)。
- ゲノム編集結果の汎用的な評価・予測モデルの開発 (2018-現在)
<https://github.com/yachielab/base-editing-prediction>
- DNA 配列構築の設計と共有を効率化するフレームワークの開発 (2020-2023)
<https://github.com/yachielab/QUEEN>
- 新規ゲノム編集遺伝子のスクリーニング (2019-2021)
- 繰り返し DNA 配列の新規アセンブリ手法の開発 (2019-2021)
- 大規模ゲノムリソースからの周期的 DNA 配列の高速探索 (2016-2018)
<https://github.com/yachielab/SPADE>

2021-2023 哺乳類における精子と卵子の種特異的な結合メカニズムの解明。
伊川研究室、東京大学医科学研究所

2013-2016 Web ブラウザを用いた汎用的細胞シミュレーション環境の構築

富田勝研究室、慶應義塾大学湘南藤沢キャンパス

競争的資金

2025.08–2030.07 国立研究開発法人科学技術振興機構 K-program

「巧技自在化 AI の見えざる手が導く遺伝子改変操作の支援システム」主たる共同研究者 (74,000 千円/5 年)

2023.10–2029.03 国立研究開発法人科学技術振興機構 CREST (バイオ DX)

「対話型 AI を用いた DNA 配列設計・合成の自動化」研究代表者 (130,000 千円 / 5.5 年)

2020.04–2022.09 日本学術振興会 特別研究員奨励費 (DC2)

「大規模ゲノムリソースからの新規ゲノム編集タンパク質の同定」研究代表者 (2,300 千円/2.5 年)

受賞歴

2024 年 5 月 船井財団 第 23 回船井研究奨励賞

2024 年 2 月 井上科学振興財団 第 40 回井上研究奨励賞

業績

+Equal contribution. Mori H is **Mori H**. *Mori H is (co-)first author. Selected papers.

査読済み国際論文

- 1- Ishiguro S+, Ishida K+, Sakata RC+, Ichiraku M, Takimoto R, Yogo R, Kijima Y, **Mori H**, Tanaka M, King S, Tarumoto S, Tsujimura T, Bashth O, Masuyama N, Adel A, Toyoshima H, Seki M, Oh JH, Archambault AS, Nishida K, Kondo A, Kuhara S, Aburatani H, Klein Geltink RI, Yamamoto T, Shakiba N, Takashima Y & Yachie N A multi-kingdom genetic barcoding system for precise clone isolation. *Nature Biotechnology*. 2025 May 25, doi: <https://doi.org/10.1038/s41587-025-02649-1>
- 2- Yamauchi-Ishikawa Y, Emori C, **Mori H**, Endo T, Kobayashi K, Watanabe Y, Sagara H, Nagata T, Motooka D, Ninomiya A, Ozawa M, Ikawa M. Age-associated aberrations of cumulus-oocyte interaction and microfilamentous structure in the zona pellucida decline female fertility. *Communications Biology*. 2024 Dec 24, doi:<https://doi.org/10.1038/s42003-024-07305-z>
- 3- Nakane T, Nakagawa R, Ishiguro S, Okazaki S, **Mori H**, Shuto Y, Yamashita K, Yachie N, Nishimasu H, Nureki O. Structure and engineering of Brevibacillus laterosporus Cas9. *Communications Biology*. 2024 Jul 3;7(1):803. doi: 10.1038/s42003-024-06422-z.
- 4- Ozawa M, **Mori H**, Endo T, Ishikawa-Yamauchi Y, Motooka D, Emori C, & Ikawa M. Age-related decline in spermatogenic activity accompanied with endothelial cell senescence in male mice. *iScience*, 2023, 108456. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.108456>
- 5- Hino T, Omura SN, Nakagawa R, Togashi T, Takeda SN, Hiramoto T, Tasaka S, Hirano H, Tokuyama T, Uosaki H, Ishiguro S, Kagiya M, Yamano H, Ozaki Y, Motooka D, **Mori H**, Kirita Y, Kise Y, Itoh Y, Matoba S, Aburatani H, Yachie N, Karvelis T, Siksnys V, Ohmori T, Hoshino A, Nureki O. An AsCas12f-based compact genome-editing tool derived by deep mutational scanning and structural analysis. *Cell*. 2023 Sep 22;S0092-8674(23)00963-7. doi: 10.1016/j.cell.2023.08.031.
- 6- Oura S, **Mori H** & Ikawa M. Genome editing in mice and its application to the study of spermatogenesis. *Gene and Genome Editing*. 2022 Dec;3-4:100014. doi:10.1016/j.ggedit.2022.100014.
- 7-* **Mori H** & Yachie N. A framework to efficiently describe and share reproducible DNA materials and construction protocols. *Nature Communications*. 2022 May 24;13(1):2894. doi: 10.1038/s41467-022-30588-x. PMID: 35610233.
- 8- Nakagawa R, Ishiguro S, Okazaki S, **Mori H**, Tanaka M, Aburatani H, Yachie N, Nishimasu H & Nureki O. Engineered Campylobacter jejuni Cas9 variant with enhanced activity and broader targeting range. *Communications Biology*. 2022 Mar 8;5(1):211. doi: 10.1038/s42003-022-03149-7. PMID: 35260779.
- 9- Konno N, Kijima Y+, Watano K+, Ishiguro S+, Ono K, Tanaka M, **Mori H**, Masuyama N, Pratt D, Ideker T, Iwasaki W & Yachie N. Deep distributed computing to reconstruct extremely large lineage trees. *Nature Biotechnology*. 2022 Apr;40(4):566-575. doi: 10.1038/s41587-021-01111-2. PMID: 34992246.

- 10- Fukushima T, Tanaka Y, Adachi K, Masuyama N, Tsuchiya A, Asada S, Ishiguro S, **Mori H**, Seki M, Yachie N, Goyama S & Kitamura T. CRISPR/Cas9-mediated base-editing enables a chain reaction through sequential repair of sgRNA scaffold mutations. *Scientific Reports*. 2021 Dec 13;11(1):23889. doi: 10.1038/s41598-021-02986-6. PMID: 34903756.
- 11- Yamamuro T, Nakamura S, Yamano Y, Endo T, Yanagawa K, Tokumura A, Matsumura T, Kobayashi K, **Mori H**, Enokidani Y, Yoshida G, Imoto H, Kawabata T, Hamasaki M, Kuma A, Kuribayashi S, Takezawa K, Okada Y, Ozawa M, Fukuhara S, Shinohara T, Ikawa M & Yoshimori T. Rubicon prevents autophagic degradation of GATA4 to promote Sertoli cell function. *PLOS Genetics*. 2021 Aug 5;17(8):e1009688. doi: 10.1371/journal.pgen.1009688. PMID: 34351902.
- 12-* Sakata RC+, Ishiguro S+, **Mori H**+, Tanaka M, Tatsuno K, Ueda H, Yamamoto S, Seki M, Masuyama N, Nishida K, Nishimasu H, Arakawa K, Kondo A, Nureki O, Tomita M, Aburatani H & Yachie N. Base editors for simultaneous introduction of C-to-T and A-to-G mutations. *Nature Biotechnology*. 2020 Jul;38(7):865-869. doi: 10.1038/s41587-020-0509-0. PMID: 32483365.
- 13- Murai Y, Masuda T, Onuma Y, Evans-Yamamoto D, Takeuchi N, **Mori H**, Masuyama N, Ishiguro S, Yachie N & Arakawa K. Complete Genome Sequence of *Bacillus* sp. Strain KH172YL63, Isolated from Deep-Sea Sediment. *Microbiology Resource Announcements*. 2020 Apr 16;9(16):e00291-20. doi: 10.1128/MRA.00291-20. PMID: 32299884.
- 14-* Masuyama N+, **Mori H**+, & Yachie N. DNA barcodes evolve for high-resolution cell lineage tracing. *Current Opinion in Chemical Biology*. 2019 Oct;52:63-71. doi: 10.1016/j.cbpa.2019.05.014. PMID: 31212208.
- 15- Ishiguro S, **Mori H** & Yachie N. DNA event recorders send past information of cells to the time of observation. *Current Opinion in Chemical Biology*. 2019 Oct;52:54-62. doi:10.1016/j.cbpa.2019.05.009. PMID: 31200335.
- 16- Evans-Yamamoto D, Takeuchi N, Masuda T, Murai Y, Onuma Y, **Mori H**, Masuyama N, Ishiguro S, Yachie N & Arakawa K. Complete Genome Sequence of *Psychrobacter* sp. Strain KH172YL61, Isolated from Deep-Sea Sediments in the Nankai Trough, Japan. *Microbiology Resource Announcements*. 2019 Apr 18;8(16):e00326-19. doi: 10.1128/MRA.00326-19. PMID: 31000557.
- 17-* **Mori H**, Evans-Yamamoto D, Ishiguro S, Tomita M & Yachie N. Fast and global detection of periodic sequence repeats in large genomic resources. *Nucleic Acids Research*. 2019 Jan 25;47(2):e8. doi: 10.1093/nar/gky890. PMID: 30304510.
- 18- Nishimasu H, Shi X, Ishiguro S, Gao L, Hirano S, Okazaki S, Noda T, Abudayyeh OO, Gootenberg JS, **Mori H**, Oura S, Holmes B, Tanaka M, Seki M, Hirano H, Aburatani H, Ishitani R, Ikawa M, Yachie N, Zhang F & Nureki O. Engineered CRISPR-Cas9 nuclease with expanded targeting space. *Science*. 2018 Sep 21;361(6408):1259-1262. doi: 10.1126/science.aas9129. PMID: 30166441.
- 19- Yachie, N., Robotic Biology Consortium (**Mori H** was involved in the IT group) & Natsume, T. Robotic Biology Consortium, Natsume T. Robotic crowd biology with Maholo LabDroids. *Nature Biotechnology*. 2017 Apr 11;35(4):310-312. doi: 10.1038/nbt.3758. PMID: 28398329.

総説 (日本語)

- 20-* **森秀人** 生成 AI と生命科学研究の自動化. *月刊細胞* 57, 8, 564-568 (2025)
- 21- 坂田 莉奈 & **森秀人** 細胞プログラミング技法と治療応用③. *実験医学* 37, 13, 2197-2202 (2019)
- 22- 坂田 莉奈 & **森秀人** 細胞プログラミング技法と治療応用②. *実験医学* 37, 10, 1838-1846 (2019)
- 23- 坂田 莉奈 & **森秀人** 細胞プログラミング技法と治療応用①. *実験医学* 37, 8, 1324-1333 (2019)
- 24-* **森秀人** & 谷内江 望 新規ゲノム編集ツールを探索する. *月刊細胞* 51, 3, 114-118 (2019)
- 25-* **森秀人** DNA イベントレコーダーによって細胞の過去の状態を知る. *実験医学* 37, 3, 440-448 (2019)
- 26-* **森秀人** & 石黒 宗 ウェットなデータストレージメディアとしての DNA. *実験医学* 37, 1, 106-112 (2019)
- 27-* **森秀人** & 谷内江 望 (翻訳) Carvunis A-R & Ideker T. Siri of the cell. ～生物学は iPhone から何を学べるだろうか～. *実験医学別冊* (2017)
- 28- 石黒宗, **森秀人** & 谷内江望 DNA バーコードおよびゲノム編集を用いた細胞系譜の一斉追跡技術.

生体の科学68, 3, 273-281 (2017).

- 29- 石黒宗, 森秀人 & 谷内江望 DNA バーコードによる生命科学実験の限界突破.
実験医学増刊号 35 (2017)

著書 (日本語)

- 30- 谷内江 望, 増山 七海, 関 元昭, 山本-エヴァンス 楠, 石黒 宗, 森秀人, 坂田 莉奈, 今野 直輝, 松尾 仁嗣
& 木島 佑輔. 超生物学—次の X~私たちがいま手にしている細胞工学.
編集/谷内江 望, 羊土社, ISBN 978-4-7581-2252-8, 2021

ポスター発表

- 31-* Mori H, Evans-Yamamoto D, Ishiguro S, Tomita M & Yachie N. SPADE for exploring periodic sequence repeats as potential genome editing modules, *The 20th International Conference on Systems Biology*, Okinawa, Japan, November 2019
- 32-* Mori H, Evans-YamamotoD, Ishiguro S, Tomita M & Yachie N. SPADE for exploring and analyzing genome editing systems. 第19回東京大学生命科学シンポジウム, 東京, 2019年4月
- 33-* Mori H, Masuyama N, Evans-Yamamoto D, Ishiguro S, Sakata R, Nishimatsu H, Tomita M, Miyaoka Y, Nureki O, Hiroyuki A and Yachie N. DIAMOND: fully automated software to analyze amplicon sequencing data. *Keystone Symposia Conference on Genome Engineering: From Mechanisms to Therapies*, Victoria, Canada, February 2019
- 34-* Mori H, Evans-YamamotoD, Ishiguro S, Tomita M & Yachie N. Global detection of periodic sequence repeats in large genomic resources. 第2回慶應ライフサイエンスシンポジウム, 日吉, 2018年9月
- 35-* Mori H, Evans-YamamotoD, Ishiguro S, Tomita M & Yachie N. Fast and global detection of periodic sequence repeats in large genomic resources. *RECOMB Comparative Genomics 2018*, Quebec, Canada, October 2018
- 36-* Mori H, Evans-YamamotoD, Ishiguro S, Tomita M & Yachie N. Global landscape of periodically repeating DNA elements in prokaryotic genomes. 第18回東京大学生命科学シンポジウム, 東京, 2018年4月
- 37-* Mori H, Evans-Yamamoto D, Ishiguro S, Tomita M & Yachie N. Global landscape of periodically patterned DNA elements in prokaryotic genomes. 第40回日本分子生物学会, 神戸, 2017年12月
- 38-* Mori H, Evans-Yamamoto D, Ishiguro S, Tomita M & Yachie N. Exploration of periodically patterned DNA elements in genomic and metagenomic sequences. *12th International Workshop on Advanced Genomics*, Tokyo Japan, June 2017
- 39-* Mori H, Evans-Yamamoto D, Ishiguro S, Tomita M & Yachie N. Exploration of periodically patterned DNA elements in genomic and metagenomic sequences. *From Genetic Networks to a Cellular Wiring Diagram*, Tokyo Japan, April 2017

口頭発表・招待講演

- 40-* 森秀人. 対話型 AI を用いたプラスミドベクター設計の自動化 第72回実験動物学会総会 (招待講演), 名古屋, 2025年6月
- 41-* 森秀人. 対話型 AI を用いたプラスミドベクター設計の自動化 第36回バイオメディカル研究会 (招待講演), オンライン講演, 2025年3月
- 42-* Mori H. Automating DNA Design Using Conversational AI. *Asian Synthetic Biology Association (ASBA) Conference* Canning Walk, Singapor, January 2025
- 43-* Mori H. Automating DNA Design Using Conversational AI. 第47回日本分子生物学会, 福岡, 2024年11月
- 44-* Mori H. DNA event recording system through advanced DNA engineering technologies. *Frontiers of bioinformatics and its clinical application*, Osaka, Japan, February 2024
- 45-* Hideto Mori. DNA event recording system through advanced DNA engineering technologies. *Seminar in Nara Institute of Science and Technology (Invited talk)*, Nara, Japan, December 2023
- 46-* 森秀人. DNA 配列の設計・合成の自動化に向けたソフトウェアツールの開発.
京都大学 物質・細胞統合システム拠点 (iCeMS) 藤田グループ (招待講演), 2023年12月
- 47-* 森秀人. DNA 配列設計を支援するソフトウェアツールの開発.
生命情報科学若手の会 第9回セミナー (招待講演), オンライン講演, 2023年11月

- 48-* 森 秀人. 新規ゲノム編集システムの開発にむけた汎用的ソフトウェア群の開発.
2019 年度 医学研セミナー 東京都医学総合研究所 (招待講演), 2020 年 2 月
- 49-* Mori H, Evans-Yamamoto D, Ishiguro S, Tomita M & Yachie N. Global landscape of periodically patterned DNA elements in prokaryotic genomes. *E. coli Systems Biology Workshop*, Awaji, Japan, March 2018
- 50-* Mori H, Evans-Yamamoto D, Ishiguro S, Tomita M & Yachie N. Exploration of periodically patterned DNA elements as potential genome editing modules. *E. coli Systems Biology Workshop*, Awaji, Japan, March 2017
- 51-* 森 秀人, 内藤泰宏, 富田 勝. Web ブラウザを用いた汎用的細胞シミュレーション環境の構築. *SFC Open Research Forum 2015*, 東京, 2015 年 11 月

特許

- 52- 森 秀人、山口 七海、谷内江 望
連結 DNA の製造方法及びそれに用いるためのベクターの組み合わせ
特許第 7473953 号、登録日: 2024 年 4 月 24 日