

# 序

私が次世代シークエンサー (NGS) によるクロマチン解析をはじめたのは2008年です。この時期のNGSの導入はおそらく、国内ではかなり早かったと思います。当時、九州大学のテニュアトラックプログラムで採用され、独立したての若手教員でした。メンターの赤司浩一先生の豪気な決断で、周囲の反対を押し切って、若手（しかも非常勤!!）だった私が好き勝手にNGSを操作する機会を得ることができました。私が最初に行った解析は、ゲノム解析でもトランスクリプトーム解析でもなく、クロマチン解析でした。今でも最初のデータが取得できたときの感動が忘れられません。今では、ユーザーとしてクロマチン解析をするだけでなく、新たなクロマチン解析技術の開発も行うほどどっぷりとはまってしまいました。当時は、クロマチン研究といえば、まだまだ生化学的な解析が中心でしたが、ゲノムワイドな解析が導入され爆発的に変化していくタイミングに立ち会えたことは幸運でした。

それから早くも12年になります。ゲノムワイドなクロマチン解析は、発生・再生、がんや免疫といった臨床分野、さらには植物に至るまで幅広い分野で一般的な技術となりつつあります。NGSを基盤とした解析法だけでなく、本分野は目で見るイメージング技術の台頭が目覚ましく、さらには、そのどちらも使ったオミクス的な解析法も近年次々と報告されるようになってきました。

そんななか、あるNGS技術の開発者が集まる会議に出席した際に、おそらくこれからNGSを用いた解析をしたいと考えている方より「最近、xx-seq, xx-seqっていろいろあって混乱します。結局どの解析法が“一番”いいのですか？」と質問が投げかけられ、私は困惑しました。あまりに技術の発達がはやく報告数が多いため、研究者が最適な解析法を選ぶことが難しくなっているという問題を知る機会になりました。

そこで、本書ではこのような悩みを持つ研究者にとって解析法を選ぶヒントとなるような内容をめざしました。現在、最先端技術はSNSやプレプリントサーバーで発信され目まぐるしく更新されてますが、ベースとなる技術はそう多くありません。本書で紹介する鍵となる解析法の概要を知っていれば、あとは自分の研究のゴール設定を明確にさえすれば、最も適した方法が選べると考えています。この趣旨のもと、それぞれの解析法の重要なポイントを漏らさず記載いただくために、熟練者すなわち、その解析法を用いて論文発表にまで至った研究者の皆さんに執筆を依頼しました。気鋭の研究者の方々を筆者に迎えることができ、編者として嬉しい限りです。この場をお借りして厚く御礼申し上げます。

さいごに、本書の企画にあたりイメージングとNGS解析の両方に精通した金沢大学の宮成悠介さんに共同編者をお願いしました。彼なしでは、ここまで素晴らしいプロトコール集になりえませんでした。また、私のわがままをすべてとり入れていただき、新しいプロトコール集への挑戦を引き受けていただいた羊土社の山口恭平さんに深く感謝申し上げます。この本が皆様のクロマチン解析の一助となりますことを願っております。

2020年11月

大川恭行