

# 化学生命科学研究領域(緒方研)

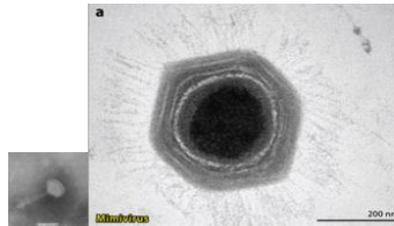
教授: 緒方博之, 助教: 遠藤寿,  
技術補佐: 1人, 研究員: 1人, 秘書: 2人,  
博士課程: 5人, 修士課程: 5人, 研究生: 5人



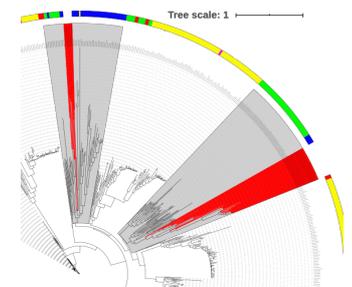
私たちは、生命の多様性・機能・進化を、分子から地球環境に至るまで俯瞰的に理解したいと考えています。そのために、私たちの研究室では、スーパーコンピュータを用いた大規模な遺伝学的データ解析を基幹としつつ分子生物学的実験も併せて行うことにより、ドライ・ウェットの両面から研究を進めています。

## 1. 巨大ウイルスのゲノム解析

2003年にLa Scolaらによって発見されたミミウイルスをはじめとする種々の巨大ウイルスは、細胞生物に匹敵する粒子径を持つことから注目を浴びてきました。巨大ウイルスは、そのサイズゆえに通常のウイルスと比べて多くの遺伝物質を保持することができ、その中にはウイルスの複製には必須ではないと考えられる遺伝子も含まれています。私たちは、この巨大ウイルスがどのような進化を経て、生態系にどのような影響を与えているのかを解明するためにゲノム解析を行っています。



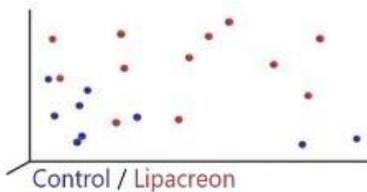
同縮尺のファージ(左: Wang et al., Curr Microbiol. (2016))とミミウイルス(右: Colson et al., Annu Rev Virol. (2017))



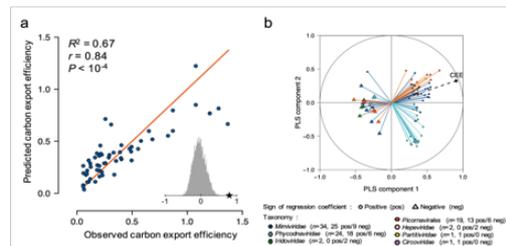
巨大ウイルスの持つミオシンの系統

## 2. 環境微生物メタゲノム解析

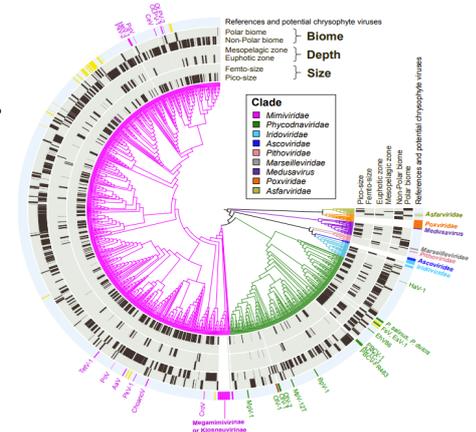
細菌や真核プランクトンなどにより構成される微生物群集は、海洋環境や腸内環境などの様々な環境に適応し、機能的な単位として外界と相互作用して環境形成に寄与しています。私たちは、環境サンプルから得られるメタゲノムデータの解析を行うことにより、遺伝子レベルの微視的な世界と生態レベルの巨視的な世界を結び付けて説明し、ひいては地球環境変動を予測することを目指しています。



バンクレリパーゼの投与によるマウスの腸内細菌組成への影響



生物炭素ポンプの回帰モデルへの各巨大ウイルスの貢献度



環境サンプルから得られた巨大ウイルスの系統と、サイズ・深度・生物群系における分布

## 3. 新しいバイオ情報技術の開発

ハイスループット実験技術の進歩により、さまざまな大規模データが蓄積しています。これらの複数のデータを統合することにより、各々のデータのみでは見だすことのできない有用な情報を得ることの重要性が叫ばれています。私たちは、生物情報データベースの構築や生物情報を統合するツールの開発をおこなっています。これらの成果はオミクスデータを統合するインターネットリソースである「ゲノムネット」により世界中の研究者に向けて公開されています。



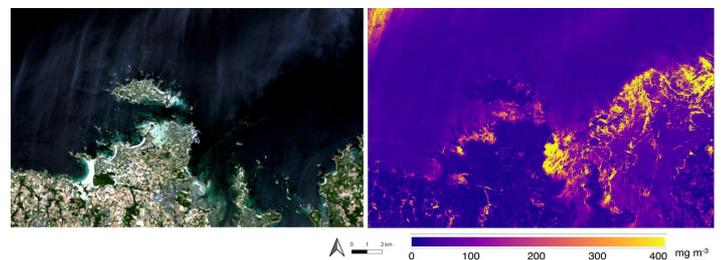
既存の論文よりウイルスとその宿主の対応関係をキュレーションして構築したデータベース「Virus-Host DB」  
<https://www.genome.jp/virushostdb>



隠れマルコフモデルによる遺伝子予測ツール「KofamKOALA」  
<https://www.genome.jp/tools/kofamkoala/>

## 4. 海色リモートセンシングを利用した微生物群集構造の全球的解析

海洋微生物のダイナミクスを全球規模で行うためには、海洋メタゲノムのサンプル密度が空間的・時間的に低いことが課題となっています。コスト面から制約が多い船舶を用いたサンプリングに対して、定期的かつ全球規模でのデータ取得を得意とする衛星リモートセンシングはこの問題を解決します。しかし、衛星により得られる情報は、色素を持った植物プランクトンによる太陽光の吸収が反映された反射光スペクトル(海色データ)であり、微生物組成との間にはギャップがあります。そこで私たちは、海色データと海洋メタゲノムの関係を機械学習により解析し、このギャップを埋めることを目指しています。



衛星データから得られたTrue Colorイメージ(左)と、衛星データから予測されたクロロフィルaの濃度の分布(右)