

化学生命科学研究領域の研究紹介

化学生命科学

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。近年では特に巨大ウイルスのゲノム解析や環境微生物メタゲノム解析、新しいバイオ情報技術の開発、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を集中的に研究しています。これらの4つのテーマについて紹介します。

第一のテーマは巨大ウイルスのゲノム解析です。巨大ウイルスとは細胞生物に匹敵する粒子径とゲノムサイズをもっています。私たちはこの巨大ウイルスがどのような進化を経てきたのか、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。近年では、巨大ウイルス間での遺伝子交換やトランススクリプトーム解析、他のウイルスでは見られない代謝遺伝子に関する研究において成果を挙げています。同時に、巨大ウイルスの宿主の同定や北極圏における巨大ウイルスの多様性と海流との関係に関しても新しい発見が相次いでいます。

第二のテーマは環境微生物メタゲノム解析です。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。例えば、大規模のメタゲノムデータを用いた赤潮の収束・消滅に対するウイルスの影響評価や、海洋真核微細藻類のゲノム解析と多様性の季節変化、環境との相互作用による代謝の最適化について重点的に研究を行っています。これらの研究は海洋のみにとどまらず、大腸がん・潰瘍性大腸炎・慢性膵炎に着目した腸内環境のメタゲノム解析を行うことによる、腸内細菌叢の組成の病気への影響についても多数の知見を得ることができました。

第三のテーマは新しいバイオ情報技術の開発です。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より、各々のデータのみでは得られなかった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、生物情報を統合して生物学・医学に役立つ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の「Virus-Host DB」や、隠れマルコフモデルによる遺伝子予測ツールである「KofamKOALA」は、多くの科学者からの支持を得ています。

第四のテーマは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です。近年の光学センサの発達により、人工衛星から広範囲なマルチバンド観測データを得られるようになりました。機械学習の応用によってこの衛星プラットフォームと既存のメタゲノムデータをつなぎ、本来衛星からは観測できない高解像度な微生物群集構造を全球規模で予測するための手法を開発することで、人類の知の水平を切り開いています。