

化学生命科学研究領域

教授: 緒方博之, 助教: 遠藤寿, 岡崎友輔
研究員: 2名, 技術補佐: 2名, 秘書: 1名,
博士課程: 5名, 修士課程: 7名, 研究生: 5人

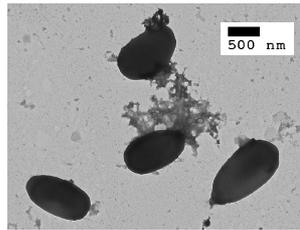


研究室のモットー **Dry To Wet!**
In silico hypothesis generation & field-wet validation

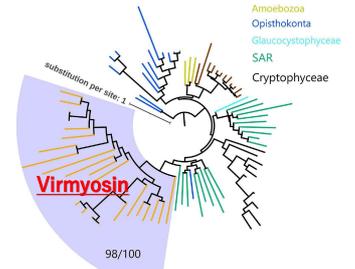
私たちは微生物の多様性に魅せられ、その多様性を持つ機能を知り、多様な生命機能をもたらした進化機構について知りたいと考えています。DNAが研究の出発点ですが、分子から地球環境に至るまでのデータを包括的かつ統合的に解析することにより、新たな知の地平を切り開きたいと考えています。このために、ドライ（計算科学）とウェット（実験科学）の両面から研究を推進しています。

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。



琵琶湖のサンプルから分離された新規巨大ウイルス様粒子



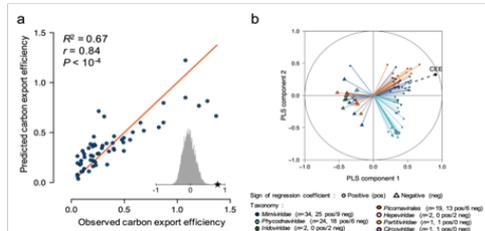
巨大ウイルス由来のミオシンの系統樹
doi.org/10.3389/fmicb.2021.683294より改変

2. 環境微生物メタゲノム解析

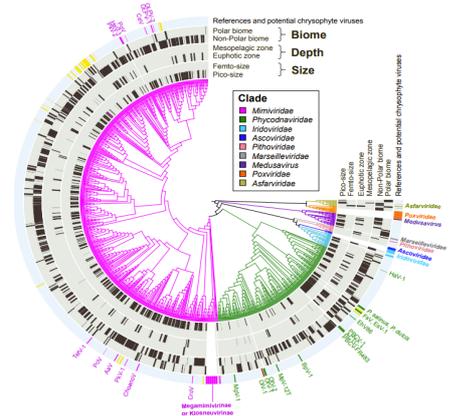
細菌や真核プランクトンなどにより構成される微生物群集は、海洋環境や腸内環境などの様々な環境に適応し、機能的な単位として外界と相互作用して環境形成に寄与しています。私たちは、環境サンプルから得られるメタゲノムデータの解析を行うことにより、遺伝子レベルの微視的な世界と生態レベルの巨視的な世界を結び付けて説明し、ひいては地球環境変動を予測することを目指しています。



琵琶湖でのサンプリング



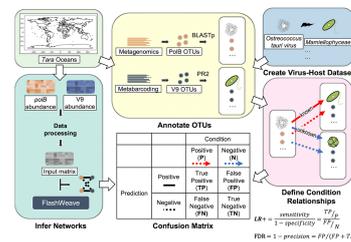
生物炭素ポンプの回帰モデルへの各巨大ウイルスの貢献度



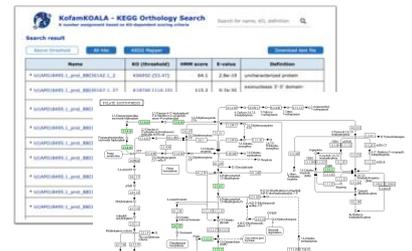
環境サンプルから得られた巨大ウイルスの系統と、サイズ・深度・生物群系における分布

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いだすことのできない有用な情報を得ることが重要性になっています。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。例えば、Virus-Host DBではウイルスの宿主情報を収集整理しています。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。



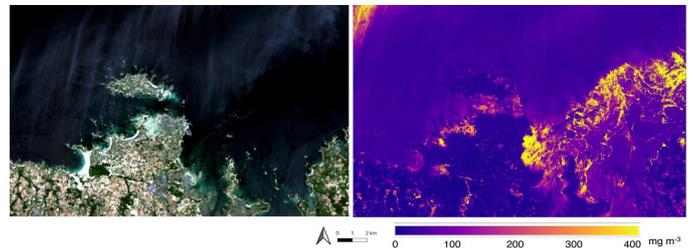
共起性に基づくウイルスの宿主予測ツール
doi.org/10.1128/msphere.01298-20



隠れマルコフモデルによる遺伝子予測ツール「KofamKOALA」
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

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しています。この技術により、遺伝子の過剰発現・ノックアウトを通じて各遺伝子の機能を特定してきたシャーレの中の分子生物学実験のように、各環境中での種の大量発生・過少発生の観察をもとにその種の環境中での役割を推定することができるようになります。



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)