

化学生命科学研究領域の研究紹介

化学生命科学

私たちは微生物の多様性に魅せられ、その多様性が持つ機能を知り、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、スーパーコンピュータを利用した大規模データ解析を基盤としながら、フィールド調査と分子生物学的実験を併用し、ドライとウェットの両面から研究を推進しています。近年では下記の4つのテーマについて幅広く研究を進めています。

第一のテーマは巨大ウイルスです。巨大ウイルスは細胞生物に匹敵する粒子径とゲノムサイズをもちます。私たちはこうしたウイルスがどのような進化を経てきたのか、生態系ではいかなる役割を果たしているのか解明するためにオミクス解析を中心とした研究を行っています。特に、巨大ウイルスの進化機構や宿主の乗っ取り機構について、比較ゲノム解析やトランスクリプトーム解析等を駆使して研究しています。また、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も成果を挙げています。今後は、巨大ウイルスが多数保持する機能未知遺伝子の機能解明が重要になってくると考えています。[\(京大プレスリリースへのリンク\)](#)

第二のテーマは環境微生物メタゲノム解析です。細菌や真核微生物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、地球環境変動に関する知見を深めることを目指しています。例えば、赤潮の発生と収束に対するウイルスの影響、極域における海洋真核微生物とウイルスの関係などについて成果を上げています。微生物生態系の研究は水圏にとどまらず、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も行っており、腸内細菌叢の組成と疾患との関係に関する知見も蓄積しています。[\(京大プレスリリースへのリンク1、2\)](#)

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。これらの多様なデータを統合することにより、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増しています。こうした背景のもと、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](#)」を開発し世界中の研究者に向けて公開しています。近年では、学術論文からウイルスとその宿主の対応関係を収集した基礎的な[データベース](#)、[ウイルスの系統解析ツール](#)、隠れマルコフモデルによる[遺伝子予測ツール](#)などを開発しました。これらは、ゲノムネットから公開され、日々多くの科学者から利用されています。

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しています。