

ゲノム情報に基づいた全代謝パスウェイモデルの自動生成

分子生物学による細胞内現象に関する知見、近年急速に発展しているハイスループットな手法による網羅的データ、そして100以上にも上るコンプリートゲノムの情報の蓄積により、“ポストゲノム”の時代の課題は、このような還元論的に培われた知識を統合し、その動的なシステムとしての性質を理解することであると言えよう。生命現象という複雑な系の要素及び非線形要素間相互作用の総和を理解するにはコンピュータシミュレーションを用いた構成論的システムバイオロジーのアプローチが不可欠であるが、この為に必須であるモデリングは現在非常に煩雑な人手による作業に依存しており、また様々な生命情報を統一的に扱える作業環境が存在していないことも計算細胞生物学が発展する上で大きな障害となっている。

以上の目的を達成するため、本研究は主に以下の3部から成る。

- ・大規模かつ多様な生命科学の各種データを効率良く解析する為の汎用統合プラットフォームの開発
- ・ゲノムデータベースのアノテーション精度による *in silico* 解析の感受性の解析
- ・ゲノム情報を基盤としたデータベース統合による大規模細胞シミュレーションモデルのプロトタイピング手法の開発

Large-scale Modeling for Systems Biology

Systematic Integration of “ Omics ” Information with Knowledge in Molecular Biology(紹介総説・英文)

上記論文の日本語版

バクテリアゲノム構造

バクテリアの増殖効率とゲノム対称性の関係性を解明

複製挙動を人工的に対称化させることに成功(紹介記事へ)

ゲノム変異シミュレーションによるバクテリア複製終結機構の解明

コンピュータシミュレーションが解き明かすバクテリアゲノム進化の軌跡(紹介記事へ)

環状バクテリアゲノムにおける複製終結点の網羅的予測

DNA の複製終結と dif 配列の関係性を解き明かす手がかりに(紹介記事へ)

一般化 GC 非対称性指数による複製関連の変異・選択圧の定量化

ゲノムの配列からその複製メカニズムを推定できる画期的新手法(紹介記事へ)

バクテリアゲノムにおける高精度な複製開始・終結点予測法を開発

テレビやラジオなどのデジタル信号処理で使われるノイズ除去フィルタをゲノム解析に応用(紹介記事へ)

バクテリアゲノムの複製による選択度合いを定量化

複製するメディアとして最適化されたゲノムのデザインパターンを探る(紹介記事へ)

細胞シミュレーション

ショウジョウバエ概日振動ネットワークモデルの比較解析

体内時計は精巧な転写フィードバック制御で安定したリズムを刻む (紹介記事へ)

ゲノム・パスウェイ情報の可視化

KEGG Atlas をベースとした多機能ウェブブラウザ「Pathway Projector」の開発
自由に実験データを可視化することができる操作性にすぐれたツールの実現 (紹介記事へ)

Chaos Game Representation によるゲノムのフラクタル解析

複雑系カオス理論を応用した新規ゲノム可視化手法を開発 (紹介記事へ)

Genome Projector: Google マップで直感的にゲノム情報をブラウジング

最新のインターネットアプリケーション開発技術を駆使して、広大なゲノム情報の世界を探索可能に (紹介記事へ)

MEGU: 統合パスウェイマップへの複合データ可視化システムの開発

ゲノム、メタボローム、プロテオームなどの大量データ解析の為にパスウェイ可視化 web サービスを公開 (紹介記事へ)

Visualizing Complex Omics Information

Scientific Visualisation for Genomics and Systems Biology (紹介総説・英文)

上記論文の日本語版

バイオインフォマティクスソフトウェア

バイオインフォマティクスにおける Web サービスアクセスのための EMBOSS パッケージ

既存の解析環境に Web サービスを安定的に連携させる新規ツール「KBWS」の開発 (紹介記事へ)

ゲノム解析統合環境 G-language System のウェブサービス

World Wide Web の仕組みを使うことで、ブラウザさえあれば誰でも簡単にゲノム解析が可能に (紹介記事へ)

Restauro-G: ゲノム再アノテーションソフトウェアの開発

メタゲノム時代を支援する高速再アノテーションソフトウェアで、比較ゲノム解析前にアノテーションの統一を (紹介記事へ)

オミクス・メタボロミクス

大腸菌の細胞内における代謝のふるまいを史上最大規模で分析

代謝物質、タンパク質、RNA を網羅的かつ定量的に計測、生命の強さの秘密が明らかに (紹介記事へ)

tRNA

SPLITS による tRNA の網羅的予測と機能解明

tRNA を網羅的に予測するソフトウェア SPLITS の開発、そして未知の tRNA 発見へ(紹介記事へ)