

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： ゲノム配列から自動で全細胞モデリングする技術の開発

2. 個人研究者名

海津 一成（理化学研究所生命機能科学研究センター 上級研究員）

3. 事後評価結果

本研究では、入力したゲノム配列に対して複数のバイオインフォマティクスツールを組み合わせで解析し、加えて多様なデータベースと連携することで全ゲノム規模モデルを構築し、1細胞1分子レベルのシミュレーションにより細胞のふるまいを再現・予測する技術を開発した。具体的には、大腸菌を対象として、ゲノム配列から自動で増殖速度やゲノムレベルでのマルチオミックス、ゲノム複製などの細胞のふるまいを再現する全細胞のモデルを構築する技術を開発した。さらに、この技術を可視化し、グローバルな研究コミュニティでの活用を提案した。また、このモデルを検証するための、ハイスループットな実験系も立ち上げている。これにより塩基配列レベルの様々なゲノム設計を計算機上で試し、検証することが可能になる。これらの成果は大腸菌など特定の種に限定せず、プラスミドや他の原核生物にも応用できるものである。したがって、総合的に見て、目標を十分達成できたと評価する。

本技術は、ゲノム配列を解析するバイオインフォマティクス、配列から分子の構造や機能を予測する構造生物学、分子のはたらきから細胞のふるまいを再現するシステム生物学を統合したプラットフォームであり、様々なゲノム配列を仮想的に改変・設計し、計算機上でその表現型を予測することで、ゲノム配列構造の設計原理の一端を明らかにできる可能性を示している。さらにゲノム配列情報を介して生化学、遺伝学、分子生物学、生物物理学、合成生物学など異なる分野の知見を結び付けることで、ドラッグスクリーニングを仮想実験として行う可能性をも示している。

研究期間中に、海外から新たに全細胞シミュレーションを目指す留学生の受入れを行い、また、領域内共同研究も開始し、国内外を含めた計算システム生物学のコミュニティ形成を進めてきている。開発したソフトウェアの幾つかは既にオープンソースで公開しており、また、システム生物学を中心とした研究支援のためのVRプラットフォーム（ECellDive）もオープンソースで公開している。これらは重要な成果であり、速やかに論文にまとめ発表することを期待したい。