

1. 糸状菌二次代謝遺伝子の研究



二次代謝系の遺伝子は発現条件が限られているため、その多くが発見されずに残されていました。ゲノム解析によって、当初予想されていたよりも遙かに多くの二次代謝系遺伝子の存在が示されました。しかし、既知の遺伝子との相同性がほとんど無いために見つけられない物も多く、実験化学的、情報科学的方法による発見の努力が続けられています。

2. ウェットとドライの融合技術の研究

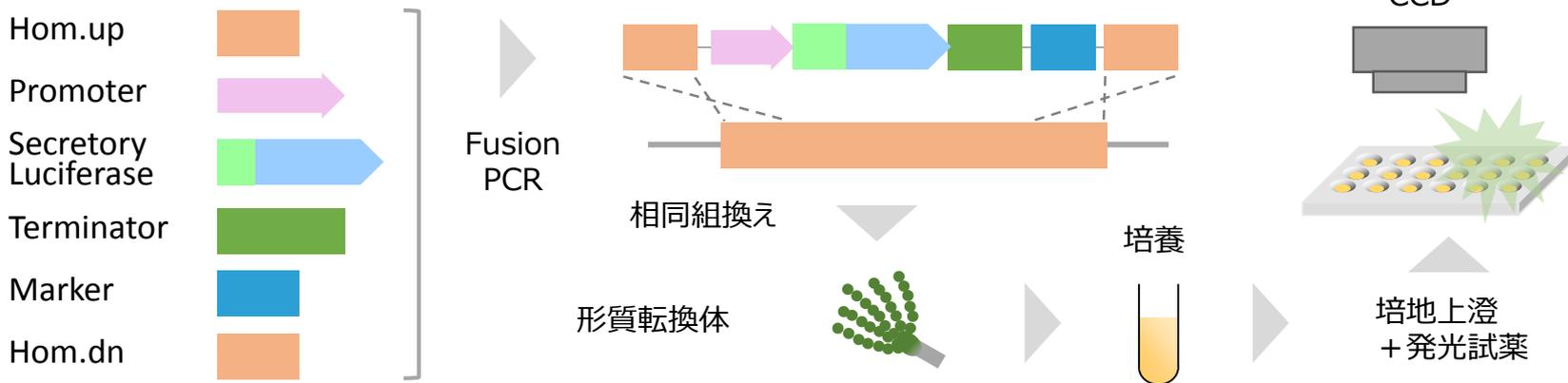


二次代謝などの生育環境に依存性の高い遺伝子は染色体末端部に偏在しているように見えます。

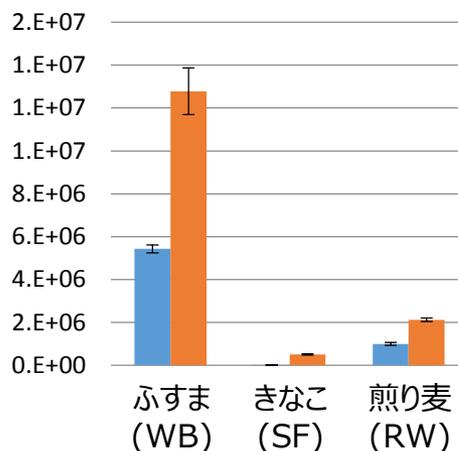
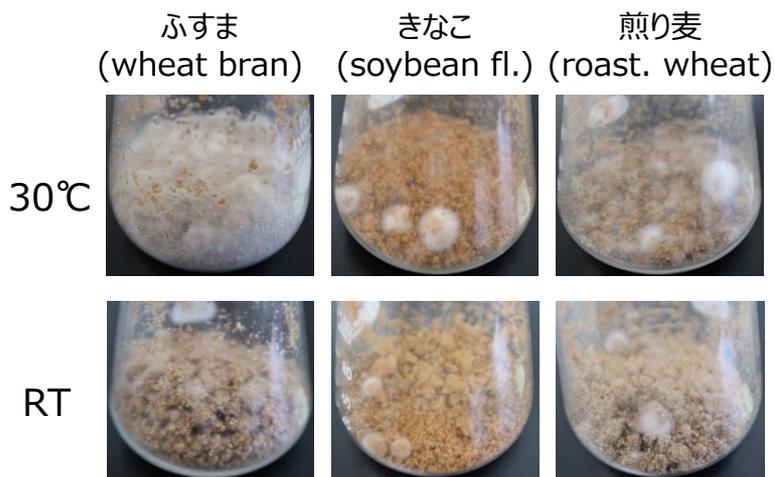
ゲノム科学の進展などによって、生物学の情報科学科が進められてきました。しかし、生物由来の情報は、実験誤差が大きい、種類が多い、新しい種類の情報の追加やデータフォーマットの変更が頻繁に行われるなど、効率的な情報解析が難しい分野でもあります。そこで、柔軟な情報解析と、研究現場への効果的なフィードバックを目的として、ウェット(生物実験)とドライ(情報解析)の融合化の研究を進めています。

1. 糸状菌二次代謝遺伝子の研究

① 分泌型ルシフェラーゼによる高感度・迅速なレポーター系の構築



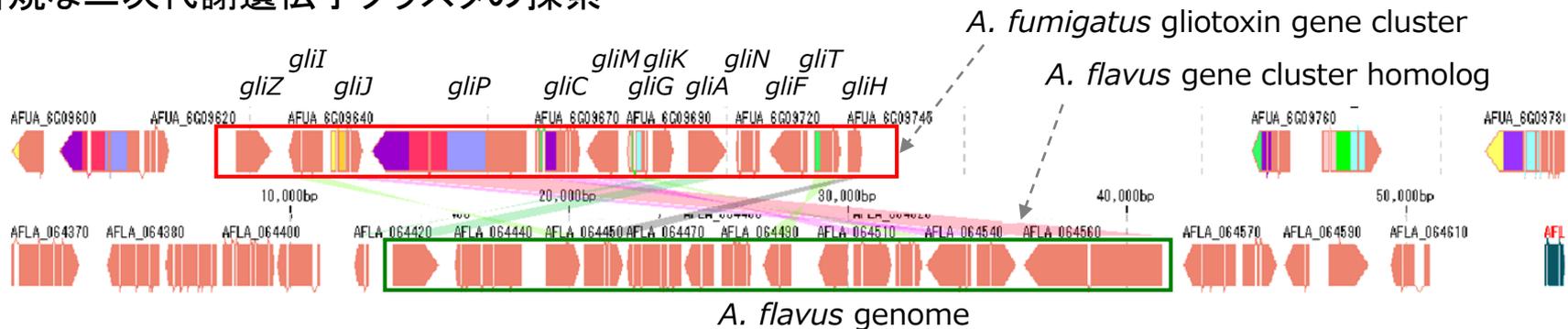
② 多様な培養条件とその組合せによる発現解析



遺伝子発現解析のレポーターとして、分泌型ルシフェラーゼを用いることにより、効率的な解析系を構築しました。これにより、多数の培養条件や組合せの解析が可能になり、発現が難しい二次代謝系遺伝子の発現条件を迅速に探索できるようになりました。また、発現制御メカニズムの解析にも活用しています。

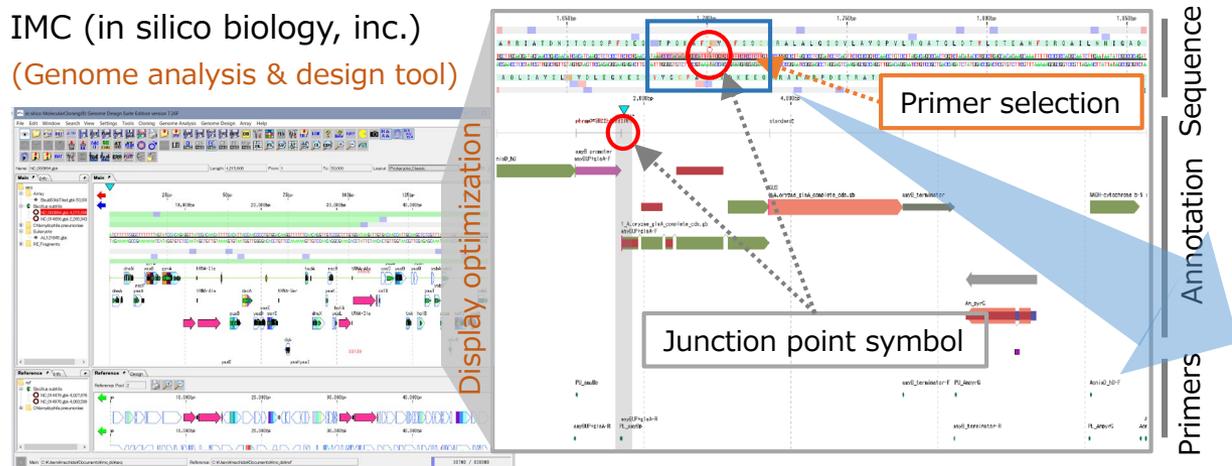
2. ウェットとドライの融合技術の研究

① 新規な二次代謝遺伝子クラスターの探索



② 遺伝子機能解析のための迅速なDNAの設計

IMC (in silico biology, inc.)
(Genome analysis & design tool)



二次代謝系遺伝子クラスターに関して、構成遺伝子の相同性、シグネチャー、共発現などを利用した情報解析技術を研究しています。また、推定された遺伝子機能に関して、効率的に実験・検証するための情報解析の方法を研究しています。

