

糸状菌の二次代謝系遺伝子の研究、情報技術とWet実験の融合による効率的で高い信頼性の実験方法論の研究

キーワード 二次代謝 / 糸状菌 / 遺伝子予測・同定 / 情報ツール / 実験の高信頼性化

研究概要

糸状菌は、多数の二次代謝系を有する。これらの遺伝子は多様性が高く、発現させることさえも容易でないため、90%程度以上の遺伝子の機能は未解明のまま残されている。これらの遺伝子の解析には、ゲノム情報を用いた様々な情報解析と、これに基づくWet実験の効果的な連携が必要不可欠であり、重要な課題となっている。

糸状菌の二次代謝遺伝子の迅速な解析と利用を目標として、様々な局面で用いることができる情報解析ツールと、Wet実験との効果的な連携方法に関する研究を行っている。現在は、NGSや多数の公開DBを利用した候補遺伝子の探索、DNA断片作製のための設計、遺伝子改変と表現形解析を網羅した方法論に取り組んでいる。

今後の展開やメッセージ

二次代謝系は発現条件が不明で解析できないものが多く、特殊な生育条件も加味した試行錯誤、人為的な遺伝子改変や異種発現などが行われていますが、多くの時間と労力が必要です。このような困難な課題への対応を目的として、情報ツールを駆使した効率的な実験、測定機器・自動化機器も含めた生物研究の情報化を進めています。

研究者情報



町田 雅之 教授・農学博士

大学院工学研究科 バイオ・化学専攻

所属研究所：ゲノム生物学研究所

東京大学農学部農芸化学科卒。同大学大学院農学系研究所博士課程修了(酵素学)。通商産業省工業技術院化学技術研究所(独)産業技術総合研究所イノベーション推進室総括企画主幹、(国研)産業技術総合研究所生物プロセス研究部門総括研究主幹を経て、2018年本学教授就任。

研究者情報URL

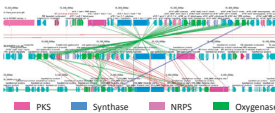
http://www.kanazawa-it.ac.jp/gbl/researcher/researcher_details.html



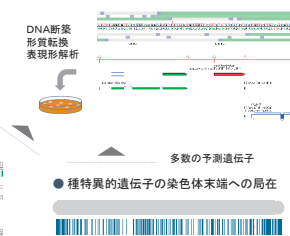
● 二次代謝遺伝子クラスタの発見



● 二次代謝遺伝子クラスタの構造と比較*



● 生物実験による評価・検証・結果のフィードバック*



* in silico molecularCloning (IMC)による表示画面より

二次代謝は古くから医薬品等に利用されてきた。ゲノム解析により予想を遙かに超える数の二次代謝遺伝子系が見つかったが、発現条件が既知のものは1割にも満たず、新たな研究の方法論が必要となっている。