

「オミックスの原理」研究会 (2021 年会)  
“Omics Principles” Committee (annual meeting 2021)

**開催趣旨:**

ゲノム解析技術の発展により種毎あるいは個人毎の全ゲノムは確実に得られるようになりました。そのことのインパクトは大きく、個々の遺伝子や変異などについて重要な情報が得られるようになりました。しかし、生物全体がどのように設計されているか?という原理は、依然分からない状態です。さらに広く考えると、生物の分子レベルから個体レベル、さらに生態系まで原理的な問題はまだ十分明らかになっていないと思います。最も基本的なビッグデータである全ゲノムが手に入る現在、私たちは「原理的な問題」が最も喫緊の課題と考えています。今回の FS も、いくつかの課題について議論しますので、色々な分野の方々に参加していただきたいと思います。

**モデレーター: 美宅 成樹 Shigeki Mitaku**

名古屋大学名誉教授 Nagoya University, emeritus professor

**広川 貴次 Takatsugu Hirokawa**

筑波大学 University of Tsukuba

**荻島 創一 Soichi Ogishima**

東北大学東北メディカル・メガバンク機構

Tohoku Medical Megabank Organization, Tohoku University

**1. ゲノム配列におけるコード領域の特徴: 生物多様性を生み出す原理**

美宅 成樹 Shigeki Mitaku<sup>1</sup>、澤田 隆介 Ryusuke Sawada<sup>2</sup>

<sup>1</sup>名古屋大学名誉教授 Nagoya University, emeritus professor

<sup>2</sup>九州工業大学、大学院情報工学研究院 Kyushu Institute of Technology

前回の研究会では、「生命」という状態を特徴付けるゲノム配列の性質として、コドン毎のヌクレオチド組成に注目して議論しました。その結果、コドンの 1 文字目と 2 文字目の組成の非常に狭い領域（組成空間におけるハビタブルゾーン）でのみ生物が存在できることを示しました。その事実から、生物の多様性はハビタブルゾーンの微細構造として存在していることが導かれます。今回は、ハビタブルゾーンの微細構造をどう解析すればよいかを議論したいと思います。ここでは生物の分岐が組成空間でのランダムウォークに対応することや、生物の分類における種・属が異なるランダムウォークをしていることなどを議論する。

**2. 大量構造情報に基づく個別タンパク質のダイナミクス研究**

木寺 詔紀 Akinori Kidera

横浜市立大学 特任教授 Yokohama City University, Project Professor

この研究会の趣旨からはある意味はずれることにはなりますが、個別タンパク質についての話をさせて頂きます。創薬ターゲットとしてのタンパク質は、様々な薬剤候補との複合体として多数の結晶構造が解かれています。そのような特定のタンパク質の大量の結晶構造を集めた ensemble に観察される構造分布から、そのタンパク質が化合物などの外部からの影響によってどのように動くかという情報が得られます。創薬ターゲットとしての EGFR kinase と SARS-CoV-2 3CL protease の解析から得られた二つのまったく異なったダイナミクスについて説明いたします。

### 3. マイクロサテライトに着目したゲノム解析

内古閑 伸之 Nobuyuki Uchikoga

明治大学 総合数理学部 特任准教授 Meiji University, School of Interdisciplinary Mathematical Sciences, Specially Appointed Associate Professor

生物ゲノム配列内に存在しているマイクロサテライトに着目することで、生物グループ間の違いを観察することができました。本解析では2塩基長のマイクロサテライトに着目し、Animals、Plants、Protists、Fungi、Bacteria、Archaea、Virusに属する681種の生物について解析しました。マイクロサテライトが連続する繰り返し数の分布を見ると、Bacteria、Archaea、Virusでは繰り返し数はそれほど多くなく指数関数的に減少した一方で、Fungi、Protists、Plantsの順で繰り返し数の多い配列の頻度が高くなり、Animalsでは最も繰り返し数の多い分布が見られました。また、マイクロサテライトを構成する塩基数のゲノム内の割合は、Animals、Plants、Protistsの3グループとBacteria、Archaea、Virusは分布が異なりFungiはそれらの中間であることが見られました。研究会では以上のことからマイクロサテライトと生物ゲノムの進化との関連性に考えていきます。