

「オミックスの原理」研究会 (2022 年会)
"Omics Principles" Committee (annual meeting 2022)

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。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っています。

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)
筑波大学医学医療系 生命医科学域 (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. AlphaFold の概要と構造モデルの利用

富井健太郎 (Kentaro Tomii)
産業技術総合研究所 研究チーム長 (AIST, research team leader)

AlphaFold は、コンタクト予測と鋳型タンパク質検索(の結果)を、self-attention をはじめとする深層学習の技術を用いて統合し、天然変性領域などを除く大部分のタンパク質ドメインに対して「高精度」立体構造予測を可能にしている。本発表では、AlphaFold の掘って立つ技術とデータおよび構造生物学における AlphaFold モデルの利用について紹介する。

2. ゲノム配列からの『生命の相図』による生物種の定義

美宅 成樹 (Shigeki Mitaku)
名古屋大学名誉教授 (Nagoya University, emeritus professor)
澤田 隆介 (Ryusuke Sawada)
岡山大学 学術研究院医歯薬学域薬理学助教 ()

生物体は多くのタンパク質の複雑なネットワークでできているにもかかわらず、非常に高い安定性を保っています。この問題を解決するために、私たちは物質の熱力学的な安定性とのアナロジーによって、比較的少ないパラメータで生物の安定性を定義することを試みてきた。その結論として、ゲノム配列全体におけるコドン毎のヌクレオチド組成をパラメータとして、『生命の相図』を描くことができることを見出しました。この相図を用いると、生物の種や属という分類の違いも定義できる可能性があります。このことから、進化についての新しい見方を提起できると考えています。

3. 『生命の相図』からみた SARS-CoV-2 の解析

美宅 成樹 (Shigeki Mitaku)

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

澤田 隆介 (Ryusuke Sawada)

岡山大学 学術研究院医歯薬学域薬理学助教 (Okayama University)

ウイルスが宿主を変える時、何が起こるかを『生命の相図』から考察し、最近の SARS-CoV-2 についてゲノム配列の解析を行ってみました。前の講演で説明したゲノム配列からのヌクレオチド組成空間内で、ウイルスゲノムがどのように移動しているかを解析してみたのです。その結果、宿主をコウモリから人へと移ったときに、宿主のヌクレオチド組成の移動方向と、ウイルスゲノムの移動方向が完全に一致していました。そして、ターゲットの組成空間での移動の途中で多くの変異が導入され、何回の感染の波が起こっていると考えられました。私たちはウイルスの専門家ではないのですが、『生命の相図』によって人獣感染症の一つの側面を解析できたのではないかと考えています。