

本研究室にご興味がある方は、
右記の森のメールアドレスに
お気軽にメール下さい

国立遺伝学研究所
情報研究系

准教授：森宙史 (Hiroshi Mori)
hmori@nig.ac.jp

ゲノム多様性研究室

ゲノムの多様性と環境との相互作用の解明

2021年度に新しくできた研究室です。バイオインフォマティクスの解析技術を用いてゲノムや群集の多様性を明らかにすると共に、多様なゲノム・メタゲノム間で共通する特徴を生息環境と関連付けて解明する研究を中心に、様々な研究に取り組んでいます。

主な研究内容

1. 微生物のゲノム・メタゲノム解析

右の表は原核生物における2021年12月時点での、培養され記載された系統数と、実験室内での培養を経ずにメタゲノムデータ等から得られたゲノム配列から提案された系統数のまとめです。原核生物の正式な系統分類法では、培養され代謝能等が記載できた系統のみ正式な系統として認められますが、地球上には未だ培養できずメタゲノムデータのみから存在がわかっている微生物が多数存在します。それらの未培養の微生物は未だ生態等も未知であり、進化生物学的に興味深い系統も多く見つかるかと期待できます。我々の研究室では、大量のメタゲノムデータを用いて微生物の多様性と生息環境との関係性を明らかにする研究、およびメタゲノムデータを効果的に解析可能なツールの開発を行っています。

系統階層名	培養され記載された系統数	ゲノム配列から提案された系統数
綱	146	407
目	271	1,279
科	635	3,222
属	3,690	12,888
種	21,500	47,894

データの出典
培養され記載された系統数: List of prokaryotic names with standing in nomenclature (<https://lpsn.dsmz.de/text/numbers>)
ゲノムから提案された系統数: Genome Taxonomy Database (<https://gtdb.ecogenomic.org/stats>)

2. Ancient DNA 解析

環境中で細胞から遊離したDNAを解析する、環境DNA解析が現在盛んに行われていますが、一般的には環境中でDNAは水による分解やDNA分解酵素等の作用により短期間で分解されます。一方、骨や歯等の硬い組織によって外界から守られた状態のDNAは、場合によっては数十年から数百万年もの長い期間徐々に分解されつつ保存されます。そのような古い生物の骨や歯等からDNAを抽出して配列を解読することで、現生の生物の進化系統樹上でのその生物の位置や集団遺伝学的な解析の基盤となるゲノム配列データが得られます。上記のような古い生物のDNA配列を用いた解析をancient DNA解析と呼びます。我々の研究室では、ヒグマやオオカミ等の主に日本国内から見つかった動物の標本を用いて他機関の共同研究者と共に、ancient DNAデータのバイオインフォマティクス解析についての研究を行っています。

ゲノム多様性研究室で身に付けられるスキル

一人前の研究者になるための教育を行います。バイオインフォマティクス技術を用いた大量データの解析を行う研究が多いため、プログラミングスキルや大型計算機を用いた解析技術、機械学習を含む統計解析技術等が身に付きます。

メンバー

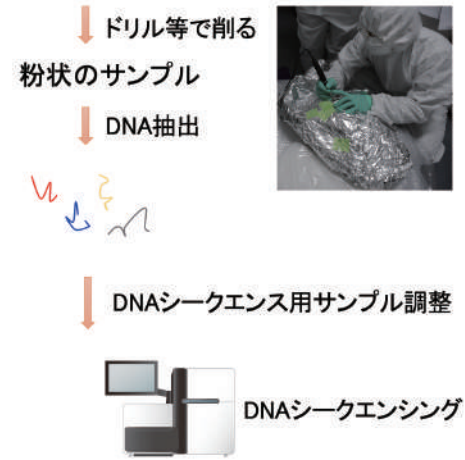
新しくできた研究室のため、現状は准教授1、博士研究員1名の非常に小規模な研究室です。森は、国立遺伝学研究所 先端ゲノミクス推進センター (<http://genome.nig.ac.jp/>) との兼任になります。

主要な研究成果

- 大量のメタゲノム配列データへの超高速な配列相同性検索ツール PZLAST の開発
Mori et al. Bioinformatics. 2021 プレスリリース: https://www.nig.ac.jp/nig/ja/2021/07/research-highlights_ja/pr20210708.html
- 本州にかつて生息していたヒグマの ancient DNA 解析による集団の由来の解明
Segawa et al. Royal Soc. Open Sci. 2021 プレスリリース: <https://www.kahaku.go.jp/procedure/press/pdf/678385.pdf>
- メタゲノム配列データの高精度な系統組成推定ツール VITCOMIC2 の開発
Mori et al. BMC Syst. Biol. 2018 プレスリリース: https://www.nig.ac.jp/nig/ja/2018/06/research-highlights_ja/20180613.html
- 北極と南極の雪を赤く染める藻類の地理的分布の解明
Segawa et al. Nature Commun. 2018 プレスリリース: https://www.nig.ac.jp/nig/ja/2018/08/research-highlights_ja/20180807.html

Ancient DNA解析の流れ

古い生物の骨・歯等の組織標本



ゲノム配列データの情報解析

Topo picture gallery by DBOLS is licensed under a Creative Commons Attribution 2.1 Japan license (c)