

記者発表

1. 発表日時:平成 20 年 5 月 29 日(木) 午後 1 時 30 分~2 時 30 分
(報道受付は午後 1 時から)
2. 発表場所:東京大学大学院新領域創成科学研究科 基盤棟 2F 大会議室(柏キャンパス)
3. 発表タイトル:オーミクス情報センターの設立
4. 発表者:
東京大学大学院新領域創成科学研究科 研究科長 教授 雨宮慶幸
東京大学大学院新領域創成科学研究科 情報生命科学専攻 教授 服部 正平
東京大学大学院新領域創成科学研究科 情報生命科学専攻 教授 森下 真一
東京大学大学院新領域創成科学研究科 情報生命科学専攻 教授 伊藤 隆司

5. 発表概要:

オーミクス(Omics)とは、ゲノムやたんぱく質などの生物データの「すべて」を集約し、生命現象を俯瞰的に理解する研究領域を言います。昨今における、現行装置の 100 倍以上の高速解読能を有する次世代型 DNA シークエンサーの実用化により、これまでとは桁違いの量の生物情報を生み出すことが可能になり、それに基づいた次世代のオーミクス研究が始まろうとしています。そして、この次世代のオーミクス研究においては、これまでのような個人やひとつの研究室単位で生物情報を出したり解析したりする研究スタイルを維持することがきわめて困難になるだけでなく、より専門性の高いコンピュータ科学の技術と知識が要求されると予想されます。そこで、東京大学は、国内有数の高データ生産能力と高インフォマティクス解析能力を融合した「オーミクス情報センター」を新領域創成科学研究科・柏キャンパスに設立しました。本センターの設立の背景には、ゲノム、トランスクリプトーム、プロテオーム及びバイオインフォマティクスなどの大量解析技術とオーミクスの中心要素領域に実績をもち、これらの分野をリードしてきた多くの研究者が既に柏キャンパスに集結していることがあります。これらの研究者が本センターに集結することによって、来るべき大容量生物情報時代に適応した先端オーミクス解析システムの構築が可能となります。次世代型シークエンサーと高性能コンピュータ解析システムを組み合わせた先端オーミクス解析システムの構築は、これまでよりも数桁高速のゲノムシークエンス解析や従来の 100 倍以上の検出感度を有した遺伝子発現の解析などの実現化を目的としています。そして、その過程で様々な新しい計測・情報融合技術(オーミクス技術)を開発し、これまで解析が困難であったヒト常在菌叢などの膨大な未知な環境微生物叢やゲノムワイドな DNA 修飾を対象としたメタゲノミクスやエピゲノミクスなどの新しいオーミクス研究を先導していきます。同時に、本センターが将来創出する高度なオーミクス技術と研究活動は、学内外の様々な研究プロジェクトを支援するエンジンの役割も担

い、生命科学のみならず環境科学などの諸分野との学術統合化を促進すると期待できます。さらに、柏・本郷・駒場・白金台の各キャンパスとの全学的な連携、学外諸研究機関との共同研究を通じ、日本の科学技術の発展に貢献できる、研究開発と研究支援を同時に担う次世代型の生命科学研究拠点の構築をめざします。

6. 発表内容:

1. センター設置の背景

1991年のヒトゲノム計画開始以来、様々な生物種のゲノム解読が世界中で進められています。論文発表された約800の生物種ゲノムを含めて、現在までに細菌からヒトまで総計約3,600のゲノム配列が公開されています。この数は年々増加の一途を辿っており、ゲノム情報が生命科学研究の基盤として幅広く利用される時代になったことを如実に物語っています。更に、決定された配列情報に基づく網羅的解析という切り口から生命科学の諸問題にアプローチする様々な「オーミクス」という分野が開拓されて、生命科学に新しい風を吹き込みました。

こうして拡がりを見せてきたオーミクス研究は、今また、大きな変革の時を迎えつつあります。その背景には、この数年で出力が数百倍にも増加した超高速DNAシーケンス技術(次世代型シーケンサー)の登場があります。このシーケンス技術は今後数年内に1人のヒトゲノムを1,000ドル以内で解読できるまで進歩することが確実視されています。このような急速な技術革新によって、これまで不可能であった研究領域が解析可能になり、数年かかっていた解析が数日で終わり、異分野間の融合が加速し、得られるデータ量がこれまでをはるかに凌駕し、数桁上になる等、これまでのオーミクス研究が質的量的に大きく変化することが予想されています。

この次世代のオーミクス研究に対応するには、次世代型シーケンサーに代表される先端計測機器による高データ生産能力と高性能計算(インフォマティクス)に基づくデータ解析能力を備えた基盤拠点が必要です。それを核として、様々なオーミクスの計測技術の専門家、最先端のバイオインフォマティクス研究者、そしてオーミクスと融合すべき今日的課題の研究者が結集して融合的・統合的研究を推進する組織の早急な構築が不可欠と考えられます。

柏キャンパスにある大学院新領域創成科学研究科は、我が国のバイオインフォマティクスの一大拠点であり、日本のバイオインフォマティクスを牽引する高木利久、数理モデルに基づく配列解析の先駆者である浅井潔、大型ゲノムの解読を推進する大型計算機システム構築を専門とする森下真一ら、上記の を満たす研究者が多数います。また、ヒトゲノム計画の中心人物の一人であり、現在は環境細菌叢のメタゲノム解析をリードする服部正平、インタラクティブなどオーミクス研究の先駆的研究者である伊藤隆司、トランスクリプトーム研究を牽引する菅野純夫、鈴木穰など、 を満たす研究者や、独自のタンパク質生産技術を誇る上田卓也、先駆的なフェノーム解析を行った大矢禎一など を満たす研究者がいます。更に、ナノテクノロジー及びDNAシーケンサー開発で有名な神原秀記などの機器開発に関係する多

彩な研究者が大学院新領域創成科学研究科に所属しています。すなわち、上記の基盤拠点を作り、次世代のオーミクス研究を先導し新しい開発展開して、世界に対抗できる芽が既に柏キャンパスに存在していたのです。本センターは、これらの人材を結集し、学融合の旗印のもと、急速に発展しつつあるオーミクス研究において、研究開発と研究支援を同時に担うことのできる次世代型拠点として設立されたということが出来ます。

2. センターの概要

本センターは、以下の部門及び人員を配置して開始します。

- 高出力生物データ生産部門:教授、准教授、特任助教、技術員
- 高速インフォマティクス解析部門:教授、准教授、特任助教、技術員
- 先端研究部門:教授、特任助教
- 新技術探索部門:教授、特任助教
- 流動プロジェクト部門:寄付講座、プロジェクト研究、産学連携等
- センター長

教授:服部正平(専任)、浅井潔・伊藤隆司・高木利久・森下真一(兼務:情報生命科学専攻)、菅野純夫(兼務:メディカルゲノム専攻)他。准教授:鈴木穰(兼務:メディカルゲノム専攻)他。特任助教、専門技術員(未定)。

3. センターの主な研究内容

3-1. 全ゲノムショットガンシーケンスとインフォマティクス

ほ乳類、脊椎動物、昆虫、出芽酵母等の近縁種間の表現型の違いをDNA配列上で探索する研究を展開しています。そのために必要な基本ソフトウェアを海外のソフトウェアに頼らずに自分たちで作成することに取り組んでいます。

近年は、メダカおよびカイコのゲノム解読、脊椎動物ゲノム比較、siRNA配列設計、出芽酵母およびショウジョウバエの変異体画像解析のためのソフトウェアを研究開発し、収集したデータをトータルに分析するマルチモーダルデータベースを研究開発しています。さらに過去1年間は、SolexaやSOLiDなどの次世代型シーケンサーを用いた超高速ゲノムシーケンスシステムを構築に取り組みました。絶対定量性の高い遺伝子発現解析、安価かつ高速な全長cDNA解読、クロマチン構造の分析のためソフトウェアを、本センター内の研究室、そして国内外の研究者と共同で研究開発しました。

このような大量データの解析には並列計算機が不可欠になります。今年度からは数千個のCPUを利用した高速化アルゴリズムの研究および並列プログラミングによる実装を進める予定です。最近になって革命的ナノ技術が報告され、2011年ごろには塩基生産能力が現在の1万倍近く(2兆塩基/日)の装置が普及しても不思議でないため、この進歩に追いつけるソフト技術開発を進める計画です。

3-2. トランスクリプトミクス

われわれは、ゲノムから読まれる mRNA を網羅的に解析することで、ゲノム DNA 上にもどのような遺伝情報が蓄えられているのか、それが、どのようなタイミングで読み出されていく

のか、その全体像を知ろうとしてきました。この過程で、ゲノムからは、タンパク質の遺伝子以外に、多数の non-coding RNA が読まれていること、遺伝子には複数のプロモーターを持つものが多いこと、想像以上に多様なスプライス産物が存在することなどを明らかにしてきました。

本センターでは、次世代型シーケンサーの持つ高いデータ生産能力を利用し、これまで定性的だった上記の結果を定量的なものにしていきます。特に、われわれが開発したオリゴキャップ法と次世代型シーケンサーを組み合わせることで、ゲノム上に存在する全てのプロモーターの活性をデジタルに読み取ることが出来そうです。

本センターの情報解析グループと協力してこの技術を完成できれば、従来に無い、高精度と高感度で non-coding RNA も含め mRNA の発現レベルを網羅的に解析できそうです。そして、共同研究を通じて、例えば、がん細胞と正常細胞の mRNA の全体像の差を明らかにし、診断治療につなげることも可能になります。

本センターでは、ゲノムの解析やエピゲノムの解析も行われます。われわれの mRNA の解析とそれらのゲノム解析を組み合わせることで、生命システムの一段と深い理解に到達することが出来るだろうと考えています。

3-3. メタゲノミクス

これまで主として生命科学としか接点がなかったオーミクスが、より幅広い生物学の領域や生命科学の枠を越えた環境問題等にも重要な貢献が出来る分野へと脱皮しつつあります。それを最も象徴的に示すのが、消化管・口腔・皮膚といった我々の内部環境や、我々を取り巻く大気・土壌・海水等の自然環境に棲息する無数の細菌集団(マイクロバイーム)を分離(純化)培養せずそのまま全体をゲノム解析する「メタゲノム解析」です。メタゲノム解析は、これまで不可能であったマイクロバイームの全貌把握を可能にするものであり、ヒトの健康増進・疾患予防や、食糧増産・石油代替エネルギー・環境保全等への微生物能力の活用など、地球生命に関する知識統合の基盤形成をめざす重要課題への幅広い応用の可能性を秘めています。

本研究では、454などの次世代型シーケンサーを用いたヒト腸内細菌叢のメタゲノム情報の収集及びインフォマティクス解析をベースとして、ヒトマイクロバイームの生命システム及び宿主であるヒトとの相互作用の解明を進めます。さらに将来的には、ヒトゲノム情報とマイクロバイーム情報を統合した超有機体としての‘ヒト’の遺伝子ネットワークやメタボロームマップの構築をめざします。また、昆虫共生、水田土壌、工場廃水、海洋等の様々な環境に棲息する細菌叢機能の研究を国内外の他機関と共同して進めます。

3-4. エピゲノム

ゲノム情報の発現は、塩基配列と転写因子だけではなく、DNAとヒストンから構成されるクロマチンの化学的、構造的な修飾によっても制御されています。このような制御は“エピジェネティクス”とよばれ、細胞の記憶として働きます。エピジェネティクスは、発生、分化、再生、トランスポゾン抑圧、ゲノムインプリンティング、X染色体不活性化、老化など、実に多様な生命現象に深く関わっており、がんや先天異常をはじめとする多数の疾患とも関係しています。その

中心となるのは、DNAのメチル化とヒストンの修飾です。これらのエピジェネティック修飾の状況をゲノム全域に渡って明らかにするのがエピゲノム解析です。本研究では、次世代型シーケンサーとバイオインフォマティクスを武器に、酵母からヒトに至る様々な生物のエピゲノム解析を強力に推進します。興味深いことに、エピジェネティック修飾は、非コードRNAによって制御されることが明らかになり、マイクロバイオームの変動に対する宿主側応答としても注目され始めています。したがって、トランスクリプトームやマイクロバイオームの研究との相乗効果も期待されます。

4. 共同研究と将来構想

本センターは、様々な先端オーミクス技術を駆使した研究支援及び共同研究を学内外の研究グループと連携して進めます。既に現時点で、国際プロジェクトを含めて16の共同および支援研究が開始されています。

本センターの活動は、他機関にはないユニークな強みとして、東京大学全体の研究競争力を増強することになります。さらに、学外他機関との研究連携の拡大は、日本全体の科学技術の向上に貢献できるものと期待されます。これらの活動は、本センターが強力なデータ生産と情報解析能力を基盤とした国内及び世界有数の先端的オーミクス研究拠点へと発展することに繋がります。

オーミクス研究は、測定技術と情報科学と生物学が融合することで発展します。実際には、生物のデータを取ることを目標に、斬新な測定技術を開発することが核になります。しかし、それだけでは不十分で、そこにバイオインフォマティクスが加わり、得られた測定値の意味を生物学につなげて初めて、オーミクス研究になります。柏キャンパスは日本有数のバイオインフォマティクス拠点であり、新しいオーミクスを立ち上げる条件に恵まれた場所です。上記のように新しい測定技術の芽は柏キャンパスにも、また、本郷、駒場、白金台などの各キャンパスにも数多くあり、本センターを融合の核として新しいオーミクス研究が立ち上がることが期待されます。

また、大学院新領域創成科学研究科では、研究だけでなく、教育も重要な任務です。本センターの構成教員は研究科の教育に従事し、21世紀COE、メディカルゲノムサイエンスプログラムなどの大学院新領域創成科学研究科の特別な大学院教育プログラムで重要な役割を果たしています。とくに、バイオインフォマティクスについては、平成19年度に新設された理学部生物情報科学科の学部教育に主要なメンバーとして携わっています。

本センターは、最先端のオーミクス研究の場として、次世代の若手研究者及び技術者の教育と養成に深く貢献することができます。極めて複雑なシステムである生命を理解し操作しようとしたとき、オーミクス研究のような広範囲な生物情報を俯瞰的な視点で考察できる研究スタイルが将来の生命科学研究にますます必要とされると考えられます。このようなオーミクス研究を先導する人材を養成することも本センターの特徴にしたいと考えています。

7. 注意事項:

本件の記事掲載に関しては、5月29日(木) 記者会見終了後をお願いいたします。

8. 問い合わせ先:

東京大学大学院新領域創成科学研究科 オーミクス情報センター
センター長 服部正平

9. 用語解説:

オーミクス(Omics):生物のもつ全遺伝子(Genomics)、全転写物(Transcriptomics)、全たんぱく質(Proteomics)、たんぱく質間の全相互作用(Interactomics)、全代謝物(Metabolomics)、全表現型(Phenomics)、細菌叢ゲノム(Metagenomics)等の生物情報「すべて」を収集し、これらを生物学的、環境を含めた生態学的、情報学的に解析する分野。

* Genomics:全遺伝子領域、転写制御領域、反復配列、SNPs等の多型領域などがコードされた全ゲノム配列について、それらの生物学的・構造的特徴や意義を解明する分野。

* Transcriptomics: mRNA等の転写物の量や発現様式の網羅的解析から、生物の発生や分化、病態等のさまざまな生命現象における遺伝子発現やそのネットワークを解明する分野。

* Proteomics:たんぱく質の発現様式や局在場所の網羅的解析から、生物の発生や分化、病態等のさまざまな生命現象におけるたんぱく質及びその修飾やプロセッシング等を解明する分野。

* Interactomics:上記のProteomicsの中でもっとも複雑であるたんぱく質—たんぱく質間の相互作用(たんぱく質ネットワーク)を解明する分野。

* Metabolomics:生物が生産/代謝する低分子化合物(metabolite)を網羅的に解明する分野。たとえば、食物や細菌が生産する二次代謝物などを対象とする。

* Phenomics:表現型と遺伝子機能の関係を網羅的に解明する分野。たとえば、形態の異なった酵母やマウスを収集し、その形態変異の原因となる遺伝子を探索する。

* Metagenomics:従来の1個体の生物種をゲノム解析するのではなく、複数の生物種からなる生物集団(叢)をそのままゲノム解析する分野。たとえば、環境中やヒト体内に棲息する培養不可能な細菌叢(マイクロバイーム)を対象とした解析。

* Epigenomics:ゲノムの機能発現を制御するDNAやヒストンの修飾やクロマチン構造を網羅的に解析し、さまざまな生命現象におけるその意義を解明する分野。