

生命情報研究センター

東京都立大学 14 研究センター



本学の個々の研究水準は非常に高く、それぞれの分野で高い評価を受けています。
これらの研究資源を有機的に結びつけ、「世界の頂点」となり得る研究分野の構築を目指すのが研究センターです。
本学の使命である「大都市における人間社会の理想像の追求」に関する研究、部局に存在する研究、および部局を超えた学際的な研究の中から、卓越した研究実績があり、国際的研究拠点につながるものを探して設置しています。

- 宇宙理学研究センター
- 生命情報研究センター
- 金の化学研究センター
- 水道システム研究センター
- 気候学国際研究センター
- ソーシャルビッグデータ研究センター
- 子ども・若者貧困研究センター
- 金融工学研究センター
- 水素エネルギー社会構築推進研究センター
- ナノ工学・メカノバイオロジー融合医工連携研究センター
- 超伝導理工学研究センター
- エネルギーインテグリティシステム研究センター
- 火山災害研究センター
- 地域共創科学研究センター

ご質問やご相談がございましたら
下記へお気軽にお問い合わせください。

東京都立大学 総合研究推進機構

<http://tmu-rao.jp/>

042-677-2728

ragroup@jmj.tmu.ac.jp

〒192-0397 東京都八王子市南大沢1-1
東京都立大学 南大沢キャンパス内 プロジェクト研究棟2F

生命情報研究センター

生命情報研究センター

次世代シーケンサを使い自由に研究を実施

1980年代より始まったヒトゲノム計画をきっかけとしたDNAシーケンサの高性能化は、ムーアの法則を凌ぐスピードで進行し、ここ2年間でもおよそ10倍ともいえる高能率化を実現しています。このような状況の中では、バイオ技術と情報技術とのギャップを埋めるソフトウエアの開発が喫緊の課題となります。同時に、それらを駆使したデータ解析の担い手となる若い生命情報学者の育成も急務と言えます。そこで本学では他大学に先駆けて2011年に小型の次世代DNAシーケンサを導入しました。さらに生命情報研究センターを設置し、「①ゲノム解析をコアとする広範囲の分野で研究を実施」、「②人材の育成」の2つを柱に研究活動を行っています。

ゲノム配列決定からソフトウェア開発まで行う

次世代シーケンサによるゲノム解析は分業化が進んでいますが、本研究センターでは、データの抽出からソフトウェア開発まで、トータルな研究が可能です。そうした環境は若い研究者にとっても有益で、たとえば大学院生が、自身の研究に次世代シーケンサを用い、学会発表しています。また、分子系統解析ソフトウェア(MEGA)の新たなバージョンには、人間以外の動物のゲノム情報と比較解析することで遺伝病の原因遺伝子を予想する機能も備わりました。基礎系の研究だからこそアイデアといえるでしょう。

最先端レベルで国際共同研究を推進する

今後は膨大なゲノムビッグデータを誰もが利用できる仕組みづくりが進むと予想されます。本研究センターでは、次世代DNAシーケンサを用いるゲノム解析技術を活用した研究により、先端的レベルの生命科学研究を遂行することができます。また、ゲノム解析技術活用のための基盤整備の強化と人材育成を柱に、これまで以上に国際共同研究を推し進め、研究教育機関としての国際拠点への発展が期待できます。



研究センター長 田村 浩一郎
東京都立大学大学院 理工学研究科
生命科学専攻 教授 博士(理学)

「分子系統解析は今や生命科学における基盤技術の一つとなり、病原体の起源の分析や人工タンパク質の設計にも利用されています。当研究センターでは生物実験と情報解析の分野で横断的に役割を担える人材を育成していきたいと考えています。」

最先端のゲノム解析をリード 人材育成により

当センターの研究目標と
期待される効果

- 幅広い分野にわたるゲノム解析技術の開発と、それを活用した研究
- 次世代シーケンサを活用するための、環境整備、技術開発、人材育成
- 国際共同研究の創出と推進
- ゲノム研究のための人材育成と、研究機関としての国際拠点への発展

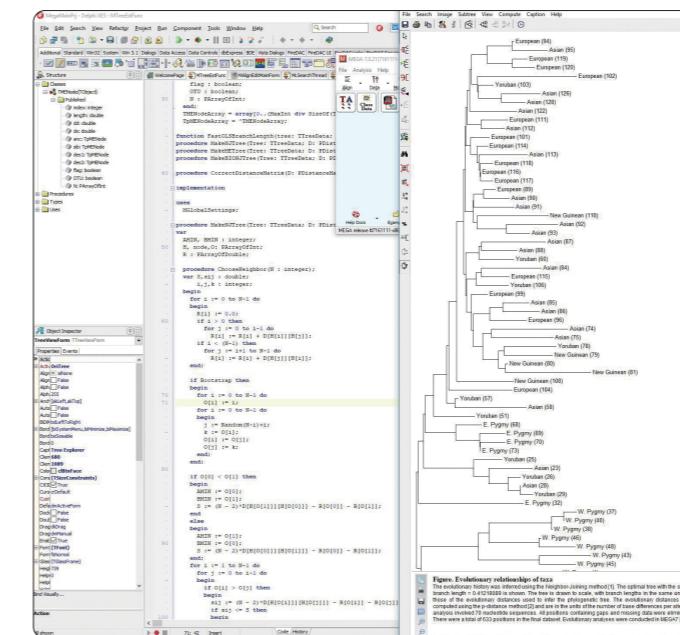
実績と評価

- 田村 教授/Sudhir Kumar テンプル大学ゲノム科学・進化医学研究所所長—分子進化遺伝解析ソフトウェアの開発
- 相垣 敏郎 教授/高橋 准教授/野澤 助教/ゲノム機能解析、表現型解析
- Frank Eisenhaber シンガポール生命情報学研究所所長／配列データを用いた機能解析
- 花田 教授/春田 准教授/Thiel 准教授/Tank 准教授/環境微生物群の網羅的ゲノム解析
- 岡部 客員教授/Hwee Kuan Leeシンガポール生命情報学研究所部門長／表現型解析のためのバイオインフォマティクス

メンバー紹介

田村 浩一郎 教授	理工学研究科 生命科学専攻
相垣 敏郎 教授	理工学研究科 生命科学専攻
花田 智 教授	理工学研究科 生命科学専攻
高橋 文 准教授	理工学研究科 生命科学専攻
春田 伸 准教授	理工学研究科 生命科学専攻
CRONIN, Adam Linc 准教授	理工学研究科 生命科学専攻
THIEL, Vera 准教授	理工学研究科 生命科学専攻

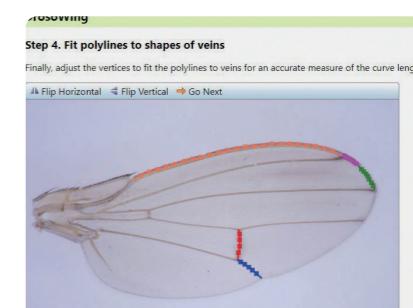
TANK, Marcus 准教授	理工学研究科 生命科学専攻
野澤 昌文 助教	理工学研究科 生命科学専攻
岡部 豊 客員教授	理工学研究科 物理学専攻
Kumar, Sudhir 所長	テンプル大学 ゲノム科学・進化医学研究所
Eisenhaber, Frank 所長	シンガポール生命情報学研究所
Lee, Hwee Kuan 部門長	シンガポール生命情報学研究所



MEGAソフトウェア開発の様子



Illumina MiSeq DNA シーケンサ。ゲノムDNAの塩基配列の解読に使用。一度に150億塩基を読むことができる



DrosоВингソフトウェア。ショウジョウバエの翅形態を半自動的に解析し種や性別を判別。BII(シンガポール)との共同研究によって開発