

「広島大学バイオ DX 産学共創拠点における非モデル生物のゲノム配列解読」

広島大学では、JST・共創の場形成支援プログラム（COI-NEXT）において Bio×Digital Transformation（バイオ DX）産学共創拠点を構築し、広島から世界最先端のバイオエコノミー社会を実現することを目指している。その目標に向かってウェットとドライの「両輪」でデジタル化されたデータを利活用するバイオ DX の研究を行っている。これまでゲノム編集ターゲット選定を大目標に、公共データベースから必要なデータセットを収集しそれらのメタ解析を行うことによるデータ解析技術を開発してきた(DOI: 10.18958/6949-00001-0000838-00)。その第一歩として、ゲノム編集のターゲットを選定するための価値を付与し、ゲノム編集のターゲットを選定するためのデータベースの整備に向けて取り組んでいる(DOI: 10.1016/j.ggedit.2022.100024)。

しかしながら、産業的に有用な物質を産生する生物の多くはこれまでモデル生物として研究されてこなかった非モデル生物であり、それらの生物ではゲノム配列をはじめとするデジタル化されたデータに乏しい。

そこで、これらの非モデル生物に対してゲノム解析を進めるために、ゲノム配列解読やトランスクリプトーム測定を行うウェットラボを整備してきた。また、そこから出てくるロングリードシーケンス（HiFi リード）と染色体上の近接情報(Hi-C)などの大量のデータを処理するデータ解析ワークフローなどの基盤技術も開発してきた。

本講演では当拠点で行っている非モデル生物ゲノム解析、とくにゲノム解読に焦点をあててその実際を紹介する。

【演者】

坊農 秀雅

広島大学 理学部 生物科学科 / 大学院 統合生命科学研究科 ゲノム情報科学研究室

広島大学 ゲノム編集イノベーションセンター バイオ DX 研究室 (PtBio 共同研究講座)