

生命システム進化の法則解明・未来予測

Pattern detection and future prediction of biological system evolution

東京大学 大学院理学系研究科 生物普遍性研究機構 客員共同研究員 今野 直輝

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、原核生物の遺伝子獲得/欠失による進化がどれだけ予測可能なのかを定量的かつ網羅的に明らかにする解析手法の構築を行っている。本年度は前年度のゲノムの顕著な収斂進化を示す2系統のフルクトフィリック乳酸菌 (FLAB) の研究の過程で発見した遺伝子である *bdhE* の解析を行った。*BdhE* は ALDH 遺伝子と ADH 遺伝子の遺伝子融合で誕生したアルコール代謝酵素であり、我々のクライオ電子顕微鏡を用いた解析でその複合体構造が明らかになった。この際、京都大学化学研究所のスーパーコンピュータシステムを用いて AlphaFold で予測構造を計算したほか、仮想の変異を導入した構造を網羅的に予測する解析において特に本システムを有効活用した。また、現在行なっているビリン合成酵素の進化研究でも大規模系統樹計算や構造予測のために本スーパーコンピュータを活用している。本研究については本年度の日本農芸化学会にて研究発表を行なったほか、現在論文を執筆中である。

発表論文(謝辞なし)

1. Cooperation and the evolution of bacterial niche breadth. Chunhui Hao*†, Naoki Konno*†, Makoto Ito, Laurence J. Belcher, Wataru Iwasaki, Stuart A. West, Proceedings of the National Academy of Sciences 123(10) 2026 年 3 月 3 日 [査読有り][筆頭著者][責任著者]
2. Host range and antibiotic resistance dissemination are shaped by distinct survival strategies of conjugative plasmids. Ryuichi Ono†, Naoki Konno†, Yuki Nishimura, Chikara Furusawa. Nucleic Acids Research 54(2) 2026 年 1 月 23 日 [査読有り][責任著者]
3. Repeatability of protein structural evolution following convergent gene fusions. Naoki Konno†, Keita Miyake, Satoshi Nishino, Kimiho Omae, Haruaki Yanagisawa, Saburo Tsuru, Yuki Nishimura, Masahide Kikkawa, Chikara Furusawa, Wataru Iwasaki. Nature Communications 16(1) 2025 年 9 月 22 日 [査読有り][筆頭著者][責任著者]