

Multi-omics 解析による大腸菌のシステム生物学

Multi-omics Analysis and Systems Biology of *E. coli*

富田 勝

Masaru Tomita

(慶大先端生命研、慶大環境情報)

(Inst. Adv. Biosci. Keio University)

慶應義塾大学先端生命科学研究所では、キャピラリ電気泳動 (CE) と質量分析計 (MS) を組み合わせた**メタボローム**解析装置を開発した (Soga *et al.*)。この CE/MS は多数の細胞内代謝物質を一斉に定量することを可能とする。

また、大腸菌 (K12) の**ディスラプトーム** (単一遺伝子破壊株ライブラリ) を作成し、“KEIO コレクション” として世界中に配布している (Mori *et al.*)。

これら独自技術を用いて、大腸菌の主要エネルギー代謝系の各遺伝子破壊株について、**メタボローム** (代謝物量)、**プロテオーム** (酵素量)、**フラックスオーム** (代謝流速)、**トランスクリプトーム** (mRNA 量) をシステムティックに測定した。それらのマルチオミクスデータをもとに大腸菌代謝モデルを作成し、最終的にはシミュレーションによる代謝予測、代謝最適化の技術確立を目指す (Ishii *et al.*)。

シミュレーション結果を実際の**ゲノム**に反映させるための**ゲノムデザイン**技術 (Itaya *et al.*) についても述べる。

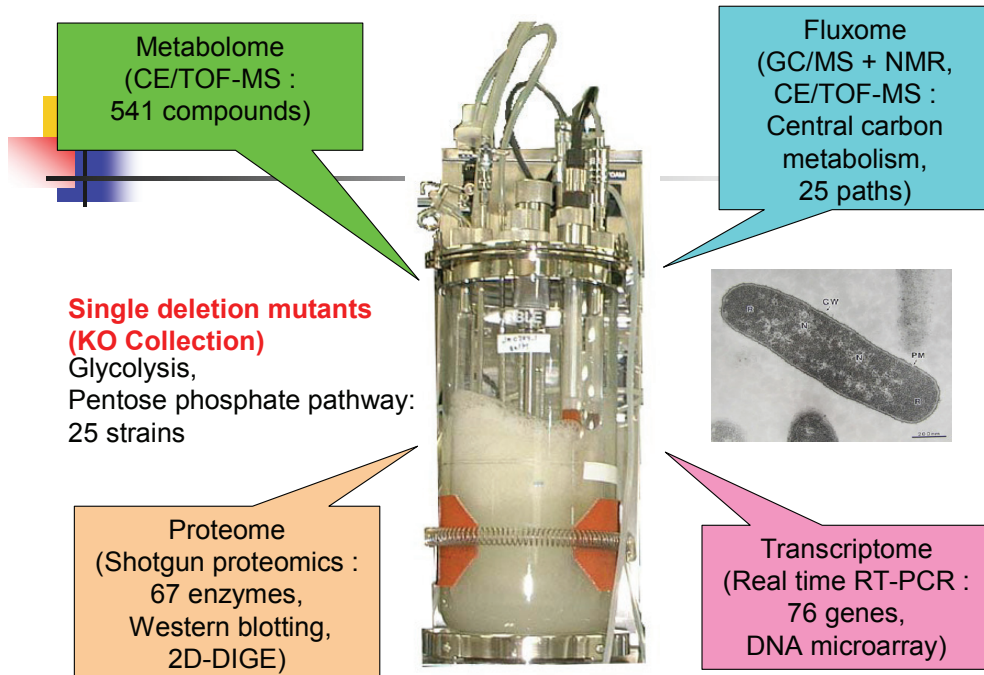
21世紀のシステムバイオサイエンス
慶應義塾大学 先端生命科学研究所

代謝プロセスを網羅的に計測し、コンピュータを用いてモデリング、その動的な振る舞いを解析・最適化することによって細胞を“デザイン”する。細胞のCAD (Computer Aided Design) とでも呼べる そんな全く新しいバイオサイエンスに挑戦しています。

●数千種類の細胞内代謝物質を一斉に測定できるCE/MS。本研究所が開発したメタボローム研究の新兵器です。

●大腸菌の全遺伝子破壊株“Keio Collection”。発生物研究の貴重なリソースとして世界から注目されています。

●細胞シミュレーションシステム“E-Cell”。バイオシミュレーション研究の世界的パイオニアです。



Continuous culture ($D = 0.2 \text{ [hr}^{-1}\text{]}$)

