

次世代バイオものづくりを駆動する高度オミクス計測・解析基盤の開発

チームリーダー： 馬場 健史（国立大学法人九州大学 生体防御医学研究所 教授）



共同研究機関： 早稲田大学、九州大学、新潟大学、京都大学

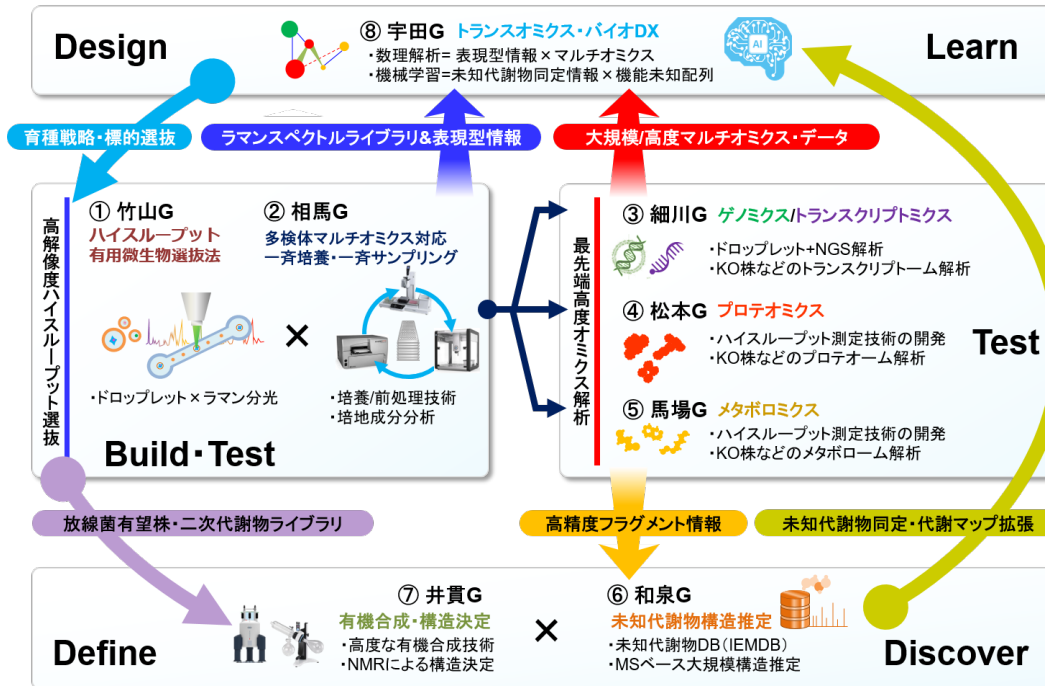
目的：

これまでにない実用性の高いバイオファウンダリープラットフォームの構築のためのマルチオミクス計測・解析基盤の構築に取り組み、世界に勝負できるバイオものづくりにおける強力なツールを提供する。

研究概要：

本研究開発では、I. 新たな表現型解析に基づく標的選抜・自動培養システムの開発、II. 世界最高精度のハイスループットマルチオミクス計測技術の開発、III. 代謝マップ拡張のための未知代謝物の戦略的同定法の開発、IV. 多階層における相互作用ネットワークの解析手法の開発、の各項目の技術を高度化し、それらの技術を統合することで、「次世代バイオものづくりを駆動する高度オミクス計測・解析基盤の創成」を目指す。

大腸菌などの微生物をモデルとして様々な培養条件下で取得したマルチオミクスデータから遺伝子型と環境条件から得られる微生物表現型を予測するモデルを構築し、実用微生物における有用物質生産系へと展開を図る。



Development of an advanced omics measurement and data analysis platform to drive next-generation biomanufacturing

Project Leader : Takeshi Bamba
Professor, Medical Institute of Bioregulation, Kyushu University

R&D Team : Waseda University, Kyushu University, Niigata University, Kyoto University



Summary :

We are developing a multi-omics measurement and data analysis platform to establish a highly practical biofoundry that will provide a globally robust tool for bio-manufacturing.

Within this R&D project, we are focusing on the following key areas: I. Creating target selection and automated culture systems based on novel phenotypic analysis; II. Development of high-precision and high-throughput multi-omics measurement technology; III. Development of strategic identification methods for unknown metabolites to extend metabolic pathway maps; and IV. Development of data analysis methods for interaction networks at multiple omics levels. By integrating these technologies, we aim to create an advanced omics measurement and analysis platform that will drive next-generation biomanufacturing. We are constructing a model to predict microbial phenotypes obtained from genotypes and environmental conditions based on multi-omics data collected under different culture conditions using microorganisms such as *E. coli*. This model will then be applied to improve the production of useful substances in practical microorganisms.

