

ゲノムスケールの DNA 設計・合成による細胞制御技術の創出  
2020 年度採択研究者

2020 年度 年次報告書
------------------

前田 和勲

九州工業大学 大学院情報工学研究院  
助教

DNA 配列のボトムアップ型自動設計技術の開発

## § 1. 研究成果の概要

2020年度は、「進化計算をソフトウェアとして実装」、「最適な遺伝子回路を探索するアルゴリズムの開発」、「DNA モジュール情報を遺伝子回路設計に利用する技術の開発」の3つの研究を実施した。

この研究では、遺伝子回路を自動設計するための基礎技術として、最適化アルゴリズムを用いる。そこで、最適化アルゴリズムの1つである実数値遺伝的アルゴリズムのプログラムを実装した。そして、RCGAToolbox というソフトウェアとして GitHub に公開した。この研究成果をまとめた論文は bioRxiv で公開している。

これまでに開発していた遺伝子回路/DNA 配列設計システムでは、設計した遺伝子回路が実際に作成しやすいかどうかを考慮していなかった。2020年度に開発した新しい自動設計システムでは、ユーザーがあらかじめ遺伝子回路設計に使う DNA パーツを指定し、システムがそれを組み合わせることで遺伝子回路を設計する。また、指定された DNA パーツでは目的の挙動が達成できないときには、その挙動を達成するために DNA パーツにどのような変更を与えればよいのか提案する。新しい遺伝子回路自動設計システムによって、遺伝子発現レベルの周期的増減(振動)、簡単な論理演算、1ビット情報の保持、といった機能を実現する遺伝子回路を設計することができた。一度に設計できる遺伝子回路の大きさには制限がある。そこで、設計済みの遺伝子回路(DNA モジュール)を組み合わせることでスケールアップする技術が重要になる。2020年度には、システム生物学の標準データ形式で記述された遺伝子回路を組み合わせることができるようになった。今後は、最適化アルゴリズムと組み合わせ、目的とする挙動を達成するための最適な DNA モジュールの組み合わせを自動的に探し出すことを目指す。

### 【代表的な原著論文情報】

1) “RCGAToolbox: A real-coded genetic algorithm software for parameter estimation of kinetic models”, bioRxiv, 2021