

革新的な知や製品を創出する共通基盤システム・装置の実現

多階層数理モデルに基づく経時的ゲノム進化動態の定量的解析基盤の構築

研究開発代表者： 岩見 真吾 九州大学 大学院理学研究院 生物科学部門 准教授

共同研究機関： 北海道大学、京都大学、大阪大学、熊本大学、首都大学東京、
国立感染症研究所、国立国際医療研究センター、
(株)NTTデータ数理システム、(株)リバネス、(株) クラスティム



目的：

配列動態による疾患発症のメカニズムの解明や事前予測、また、予後予測を実現するために今後必須となる、経時的なゲノムの進化動態を定量的に明らかにできる解析システムを開発していく。

研究概要：

「経時的なゲノムの進化動態を定量的に明らかにできる解析システムの開発」のために、具体的なウイルス感染疾患を対象に研究開発に取り組む。臨床検体を用いた次世代配列解析から得られた経時的なゲノムデータの数理科学的な解析とコンピュータシミュレーションにより、課題I：多階層数理モデルの数学的定式化と個体ベースシミュレーションによる実装と課題II：配列進化シミュレータの構築と生成疑似配列の進化/集団遺伝学的解析手法の確立、を異分野融合手法により進める。そして、経時的なゲノムの進化動態を定量的に理解するために、実データを用いたデータ駆動型の動的アプローチを確立する。特に、新規診断方法の提案や発症・予後予測が実現できることをこれら個別疾患にて実証する。多くの疾患研究の現場において、静的な一時点の実データから帰納的に問題解決を図っていた従来の研究スタイルから、複数時点の実データを駆使した動的な研究スタイルへとパラダイムシフトしていくことが期待できる。

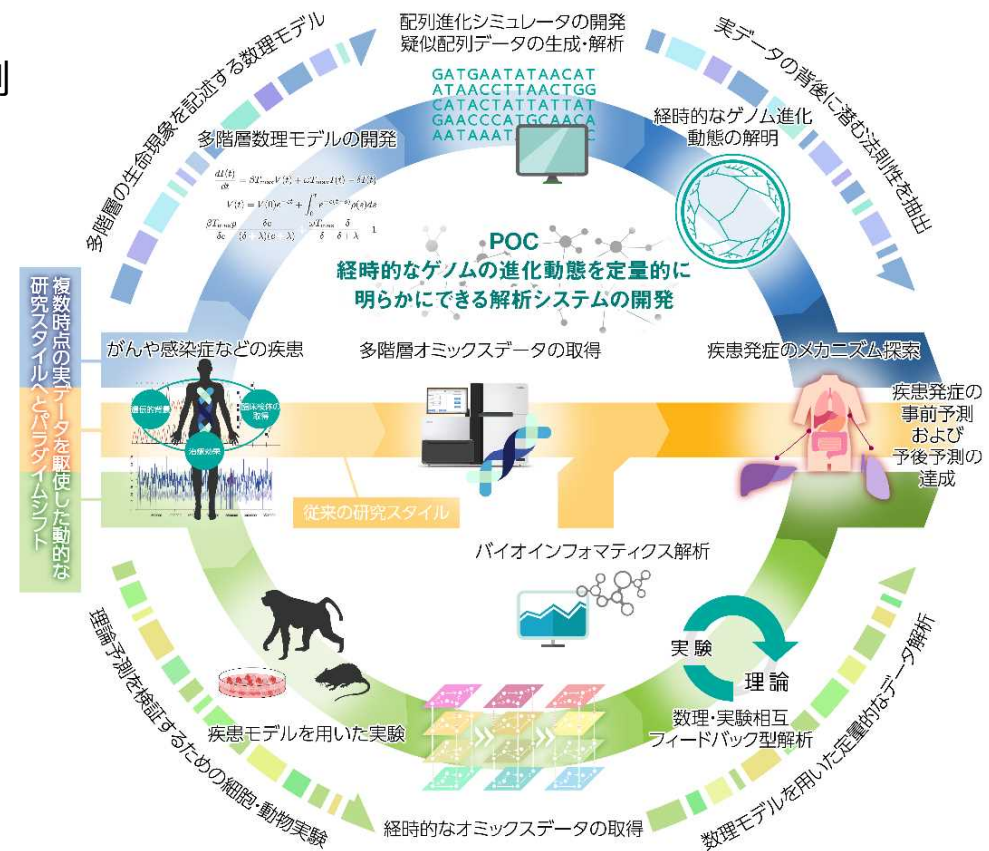


図1. POCを達成するための研究開発の全体像

Realization of Common Platform Technology, Facilities, and Equipment that creates Innovative Knowledge and Products

Quantitative approach for genome evolution dynamics based on multiscale mathematical model

Project Leader : Shingo IWAMI, Associate Professor,
Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University

R&D Team : Hokkaido University, Kyoto University, Osaka University,
Kumamoto University, Tokyo Metropolitan University,
National Institute of Infectious Disease, etc



Summary :

A current gold-standard approach in disease research is essentially rely on statistical analysis of “snapshot data” during dynamic disease progression. In order to quantitatively understand disease progression as “genome evolution” and extract “nonlinear system” behind real datasets, we will develop novel dynamical approach combing population dynamics theory and population genetics theory with time-series data. In particular, we will analyze time-series of deep-sequence datasets obtained from virus infected patients (e.g. HTLV-1 and HCV) and contribute the establishment of new diagnosis criteria and prediction of disease progression. To achieve our project, we first need to derive mathematical formulation of multiscale model and perform its numerical calculation based on individual-based model. Then, we generate “artificial sequences” using the simulator and estimate parameters to reproduce real datasets by deep-sequences. Integrating current high-throughput technics including next-generation sequencer and mathematical sciences, we make a paradigm shift in future disease researches.

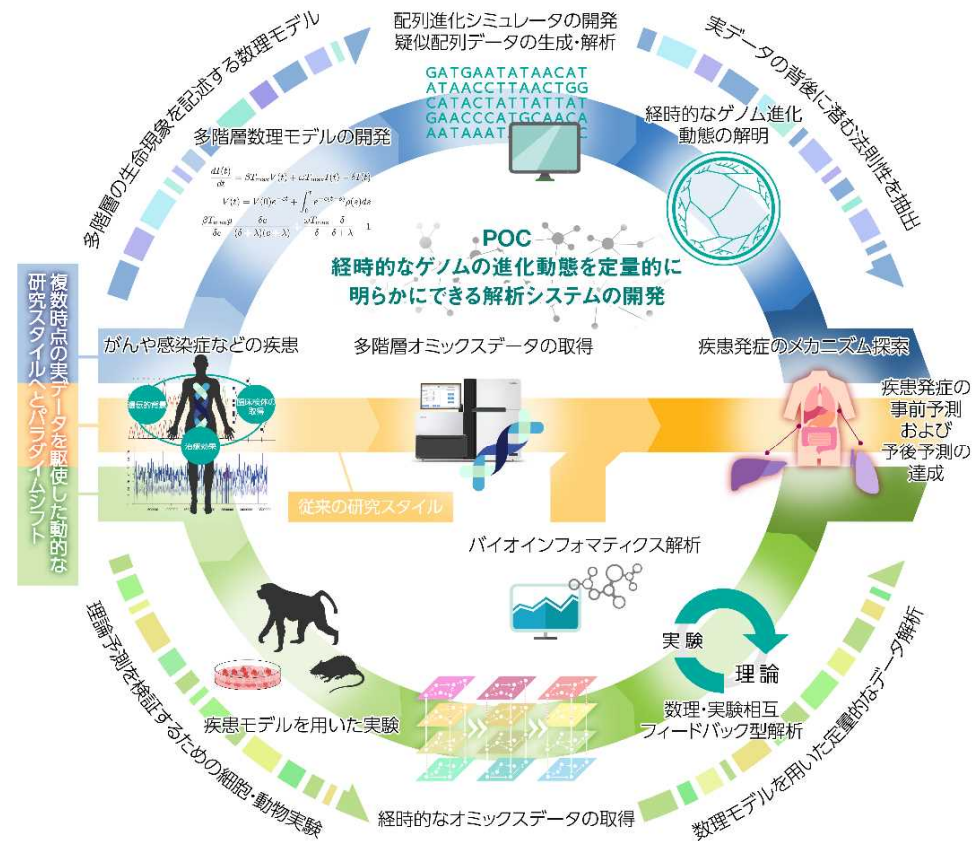


図1. POCを達成するための研究開発の全体像