

## ***Thermus thermophilus* HB8 のシステム生物学へ向けて**

Toward Whole-Cell Biology of a Model Organism, *Thermus thermophilus* HB8

理研 放射光科学総合研究センター 放射光システム生物学研究グループ  
SR System Biology Research Group  
RIKEN SPring-8 Center, RIKEN Harima Institute

Home Page: <http://www.thermus.org>

e-mail: [struct7@spring8.or.jp](mailto:struct7@spring8.or.jp)

たとえ一つの細胞でも、細胞の環境適応を予測するためには、膨大な情報を必要とする。その「予測可能な生命科学」を目指したモデル生物として高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 を選び、放射光システム生物学研究グループはこれまでに、まず (1) ゲノム解析、(2) タンパク質の発現や調製、(3) 立体構造解析を行い、その過程で蓄積した実験材料や情報を、世界中で共有する学問基盤の整備に協力してきた。それらの経過を報告するとともに、遺伝子関連のリソースを入手する方法をバイオリソースセンターから紹介していただき、関連する情報の利用方法についても紹介する。

次に、細胞全体の生命現象を理解するためには、他の生物種と同様に、残された 1/2 – 1/3 の機能未知遺伝子（タンパク質）の機能を発見しておく必要がある。この機能発見のために、遺伝子破壊株、mRNA 解析（トランスクリプトーム解析）、タンパク質発現解析（プロテオーム解析）、代謝物質解析（メタボローム解析）のプラットフォームが役立っている。これらのゲノムワイドな解析方法も研究者間で共有しているが、これらの解析方法を利用することによって、これまでとは全く異なる次元の情報を得ることが可能になり、機能発見のみならず、既知のサブシステムの研究にも役立っている。

細胞内のサブシステムは約 200 種類存在するが、それらサブシステムの研究が多くの研究機関で行われており、本研究会でもその一部が紹介される。我々のグループでは、そのうちの DNA 修復系サブシステムや転写系サブシステムなどを例にして、上述のバイオリソースやゲノムワイドな解析方法も利用しつつ、システム生物学的研究を行っている。そのサブシステムの研究過程には、これまでに学問基盤が確立している「化学的・物理的な解析方法」も威力を発揮するが、今後は種々のイメージング技術も利用できると期待される。

### 【ポスター番号】

ゲノム情報などに基づくタンパク質発現	【1】
タンパク質精製	【2】
タンパク質発現プラスミド、遺伝子破壊株プラスミドの配布	【3, 8】
タンパク質の結晶化、X線回折データ収集、立体構造解析	【4】
ゲノムワイドな発現解析 mRNA (DNA マイクロアレイ)	【5】
タンパク質(質量分析)	【25, 64】
代謝物質(質量分析)	【25】
データベース	【6, 7】
機能発見研究	【21-23, 24, 25, 27, 28, 29, 32, 43, 52, 58】
システム生物学へ向けて	【21-23, 29, 30, 31, 32, 37-41, 46-48, 52-61, 62, 63】