

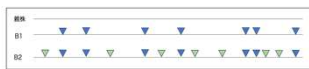
1. 研究の概要

高度なバイオインフォマティクス解析の経験がなくても手軽に活用でき、データ駆動のものづくりを加速させる環境を提供

公共DBの
メタ解析

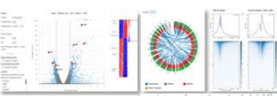
変異解析

メタゲノム
解析



遺伝子発現
可視化

遺伝子発現
C-Map



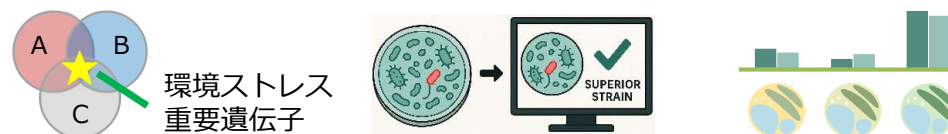
機能X

その他、柔軟に対応

2. 成果の特徴・知財

各産業の社会課題の解決に向けた共創事業を多数推進（以下例）

ストレス耐性植物の育種 微生物スクリーニング 藻類の屋外培養条件の分析



A highly contiguous genome assembly of red perilla (*Perilla frutescens*) domesticated in Japan
Keita Tamura, Mika Sakamoto, Yasuhiro Tanizawa, Takako Mochizuki, Shuji Matsushita, Yoshinori Kato, Takeshi Ishikawa, Kenjiro Okuhara, Yousaku Nakamura, Hiromasa Banno
DNA Research, Volume 30, Issue 1, February 2023, doi:10.1093/dnares/dsac044.

新事業の創出に向けた基盤研究
1Gbp以上の植物を全ゲノム解析
95%の遺伝子機能を予測

3. 既存技術との比較・アピールポイント

最先端次世代シーケンサー
によるゲノムデータの取得

公開されている膨大な
ゲノム情報を活用する技術

様々な生物種の解析結果を
蓄積した独自のBio DX PF



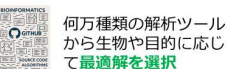
PacBio Sequel IIeシステムを
西日本企業で初めて導入！



共同研究講座
受入教員
坊農秀雅



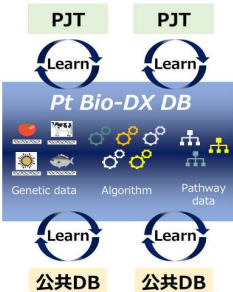
バイオインフォマティクス
業界のトップランナー



何万種類の解析ツール
から生物や目的に応じて
最適解を選択



独自スクリプトにより、
公共DBのメタデータと
実験データを統合解析



ゲノム情報未知の非モデル
生物に強いのが特長

4. バイオものづくりへの展開例と課題

展開例

- 優良品種の選抜育種、培養/栽培条件の最適化
- 機能性素材のスクリーニング
- 継代後の品質担保のための検査システム
- 形質情報や現象の原因分析

課題

- 比較実験系を構築する必要
- ゲノムサイズや近縁種情報に応じて解析ハードルが高くなる