

氏名： 由良 敬 (YURA Kei)  
所属： 人間文化創成科学研究科先端融合系 生命情報学教育研究センター  
職名： 教授  
学位： 博士 (理学) / PhD  
専門分野： 計算生物学 / Computational Biology、構造バイオインフォマティクス /  
Structural Bioinformatics、生物物理学 / Biophysics、分子進化学 / Molecular Evolution  
URL： <http://cib.cf.ocha.ac.jp/yuralab/index.html>  
E-mail： [yura.kei@ocha.ac.jp](mailto:yura.kei@ocha.ac.jp)

#### ◆研究キーワード / Keywords

計算生物学 / 構造バイオインフォマティクス / 生物物理学 / タンパク質立体構造科学 / 分子進化学  
Computational Biology / Structural Bioinformatics / Biophysics / Protein Structure Science /  
Molecular Evolution

#### ◆主要業績

総数 (6) 件

- Kei Yura, Mitiko Go (2008) Correlation between amino acid residues converted by RNA editing and functional residues in protein three-dimensional structures in plant organelles. *BMC Plant Biology*, 8, 79.
- Kei Yura, Yuki Miyata, Tomotsugu Arikawa, Masanobu Higuchi, Mamoru Sugita (2008) Characteristics and prediction of RNA editing sites in transcripts of the moss *Takakia lepidozoides* chloroplast. *DNA Research*, 15 (5), 309-321.
- Atsushi Matsumoto, Tetsuji Kamata, Junichi Takagi, Kenji Iwasaki, Kei Yura (2008) Key interactions in integrin ectodomain responsible for global conformational change detected by elastic network normal mode analysis. *Biophysical Journal*, 95 (6), 2895-2908.
- Kei Yura (2008) Prediction of Protein-RNA, Protein-Protein and Protein-Ligand Interfaces Based on Protein Sequences and 3D-Structures, in the Proceedings of International Symposium on Frontiers of Computational Science 2008 (eds. Yukio Kaneda, Masaki Sasai, Kanta Tachibana), pp.77-86.
- Kengo Kinoshita, Hidetoshi Kono, Kei Yura (2009) Prediction of molecular interactions from 3D-structures: from small ligands to large protein complexes, in Prediction of Protein Structures, Functions, and Interactions (ed. Bujnicki, J.M.), Wiley and Sons, 159-186.

#### ◆研究内容 / Research Pursuits

当該研究者はコンピュータが持つ計算力と無限の想像力を用いて、以下のテーマの研究を展開しています；

第1軸：分子生物学的問題

- \* 真核生物の転写後 RNA 修飾機構
  - o スプライシング
  - o RNA エディティング
- \* *Deinococcus* 属がもつ放射線抵抗性機構の解明

第2軸：生命情報学の技術開発

- \* 高精度ホモロジーモデリング法とモデル構造データベースの開発
- \* 電子顕微鏡単粒子解析像からの原子分解能超分子構造導出法開発
- \* 生体高分子間相互作用部位と相互作用構造推定法の開発
- \* DNA 修復関連タンパク質のデータベース開発
- \* タンパク質の構造からタンパク質の機能を推定する方法の開発

This researcher is approaching the following topics based on the computation power and his imagination power;

The first axis: Molecular Biology Issue

- Mechanisms of RNA modification in Eukaryotes
  - splicing
  - RNA editing
- Elucidation of radiation resistance mechanisms of *Deinococcus* genus

The second axis: Technology development Issue

- Comparative modeling and protein structure database
- Deduction of high resolution molecule structure out of electron microscopy images
- Prediction of biomolecules' interfaces
- Development of DNA repair protein database
- Prediction of protein biological function out of its 3D structure

## ◆教育内容 / Educational Pursuits

過去 10 年間に、ヒトをはじめ様々な生物のゲノムすべてを読み取ることができるようになりました。これらの分子生物データを解析・解釈することで、生命現象の理解が大きく進歩するはずで、当該教員が担当する「生命情報学」はこれら大量データを解析するために、物理学、化学や情報科学を生命科学に導入して生まれてきた学問です。当該教員は、生命情報学の歴史、生命情報学が扱うデータの概要、生命情報の解析方法、および生命を情報からとらえたときにどのようなことがわかるのかを学部と大学院で教育しています。担当授業においては、いずれも予備知識は必要としていません。必要な物理学、化学、情報科学は、授業内でできるだけ説明するようにします。

これらの授業で基礎を身につけた学生のうち、さらに興味がある学生は当該教員の指導の元で特別研究（卒業研究・博士論文研究）ができます。当該教員の研究室は理学部共同設置ですので、どの学科に所属している学生であっても卒業研究ができます。

Genome sequences of major species were read in the past ten years and we are facing with a vast amount of nucleotide sequence data. The data may contain whole information to understand biological phenomena, but we cannot decipher the sequences. This staff is in charge of “Computational/Informational Biology” and gives lectures related to the technology for deciphering genome sequences and new knowledge obtained by the technology. Specifically this staff lectures history of computational biology, Data structure in bioinformatics, Computational methods to deduce information from data, and New understanding gained from new analyses.

“Computational/Informational Biology” is an interdisciplinary field based on biology, physics, chemistry and information science, but all the required knowledge is lectured in the classes.

Students interested in this field can start her own graduation/PhD thesis project in the lab of this staff. The lab of this staff directly belongs to School of Science and a student belonging to any department can be a member of this lab.

## ◆研究計画

現在の研究は、細胞内の遺伝情報伝達形式の各ステップを明らかにするためにすすめている。これらがある程度わかるようになれば、細胞全体で遺伝情報が物理的にどのように実体化するのかを見ることができるようになるはずで、コンピュータ内での細胞再構成も不可能ではないと夢見ている。タンパク質がどのようにして DNA から mRNA の情報を抽出するのか？ タンパク質がどのようにして RNA を加工するのか？ などが明らかになることは、それらのタンパク質をどのように（どのような低分子で）制御することができるかを見いだす研究とも直結している。基礎的な構造バイオインフォマティクス、およびこのような応用の側面における共同研究は大歓迎である。

## ◆メッセージ

Natural phenomenon is not separated based on the intellectual disciplines. The current intellectual disciplines (physics, chemistry, biology, mathematics, ...) are based just on arbitrary boundaries set by ancient people. New people working in the interdisciplinary fields are now in high demand who can decipher questions not solved by the old disciplines. To adapt to the coming era, we are required to have a solid background in one of the old disciplines and understand others. Study hard in one of the classic fields you are good at and always have keen interest in other fields. Good luck.