

氏名： 郷 通子 (GO Mitiko)
所属：
学位： 理学博士 / Ph.D.
職名： 学長
専門分野： 生命情報学、予測生物学、生物物理学
E-mail： gakucho@cc.ocha.ac.jp

◆研究キーワード / Keywords

モジュール / 分子進化 / イントロンの起源 / タンパク質立体構造と相互作用 / トランスクリプトーム
Module / molecular evolution / origin of intron / protein conformation and interaction / transcriptome

◆主要業績

総数 (2) 件

- Kazuki Shinoda, Ken-ichi Takahashi, Mitiko Go. Retention of Local Conformational Compactness in Unfolding of Barnase; Contribution of End-to-End Interactions within Quasi-Modules. BIOPHYSICS, 3, 1-12 (2007)
- Yamasaki C, Murakami K, Fujii Y, ...Go M, ... , and Gojobori T. Genome Information Integration Project and H-Invitational 2 The H-Invitational Database (H-InvDB), a comprehensive annotation resource for human genes and transcripts. Nucleic Acids Research (Database Issue) 36:D793-9 (2008) Jan, Epub (2007) Dec.18.

◆研究内容 / Research Pursuits

- 1) タンパク質がコンパクトな部品であるモジュールから構成されていることを20数年前に発見 (Go, M., Nature (1981)), その後、モジュールと遺伝子構造の分断構造との相関を明らかにする研究を行った。もう一つの課題、モジュールがタンパク質のフォールディング過程の早い時期に形成されるかどうかの設問に答えるため、タンパク質のアン・フォールディング過程の長時間の計算機実験を行って、モジュール構造が最後まで保たれていることが、初めて明らかになった。この結果は、モジュールがタンパク質フォールディングの初期過程で形成されることを示唆する。
 - 2) ヒトゲノムの完全長 cDNA を網羅的に同定し、国際チームにより生命情報学的な解析を行いアノテーション結果 (H-Invitational Database_4.3.) を公開した。34,699 のヒト遺伝子クラスターの内 34,057 (98.1%) クラスターはタンパク質コード遺伝子であった。我々は選択的スプライシングの解析と、タンパク質コード遺伝子上に観測された選択的スプライシングの解析などを分担した。
- 1) We performed computer simulation of unfolding processes of barnase and found that module structures were maintained until later stage of protein unfolding. This result suggests that modules contribute to stabilize protein conformation in early stage of protein folding.
 - 2) We reported the new features and improvements of our latest annotation for the H-Invitational Database (H-InvDB; <http://www.h-invitational.jp/>), a comprehensive annotation resource of human genes and transcripts. H-InvDB, originally developed as an integrated database of the human transcriptome based on extensive annotation of large sets of full-length cDNA (FLcDNA) clones, now provide annotation for 175,537 human transcripts, 120,558 human mRNAs extracted from the public DNA databank in addition to 54,978 human FLcDNA, in our latest release H-InvDB_4.3.

◆教育内容 / Educational Pursuits

学士過程における 2007 年度の教育内容
「お茶の水女子大学論」の講義の一部を前期、後期の 2 回担当。本学の理念、歴史と特色、自らが歩んだ子育てと教育・研究の両立などを新入生に伝えたい。

大学院における 2007 年度の教育内容
「生命情報学を使いこなせる女性人材の育成」(平成 17、18 年度「魅力ある大学院教育イニシアティブ」採択) 終了後、開発されたプログラムを大学院カリキュラムとして定着させ、その中の講義「総合生命科学」(生命情報学分野の最近のトピックス、自身の研究をふまえ、分野の位置づけと期待を概観)と「予測生物学」(生命現象を階層性に基づいて分子レベルのデータから予測する新研究を公開で講義。パソコン実習あり、学外からも 10 名受講)の一部を担当。
「女性リーダー育成プログラム」の講義を一部担当。
本学の出身者の活躍や自らが教育・研究者として克服してきた事などを語り、女性に期待されるイノベーション創出とリーダーの育成に取り組んだ。

I gave lectures in “Comprehensive Bio-science” and “Prediction Biology” as two of the courses of “Attractive graduate education program” on “Education program for women graduate students engaged in bioinformatics” .
We started new lecture series for all graduate students to develop women leadership and I gave a lecture on the women pioneers in science in Japan. They graduated from the former school of Ochanomizu University when Universities were not opened for girls.

◆研究計画

長浜バイオ大学、遺伝学研究所、理化学研究所などと、相互作用を含むタンパク質の機能予測法の開発、タンパク質デザイン法など、種々の生命情報学の新研究開発に取り組んでいきたい。これらは名古屋大学理学研究科、長浜バイオ大学バイオサイエンス学部にて在籍した時期から続けている。具体的には、ゲノム情報がタンパク質に翻訳されるまでの過程で、一旦 RNA に転写されることで起きるイベント（選択的スプライシング、RNA 編集など）が、タンパク質構造の多様性や機能発現の制御、生物内のネットワークにどのように関わるか、生物物理学的な手法を用いて非実験的に予測する事により、生物学的な意味を予見する分野を開拓することに興味がある。さらに、生物システムのもつロバストネスの分子機構は、これまでの非生物の世界では見られない新規のメカニズムなのか、知りたいと思っている。

◆メッセージ

科学技術における発明や発見だけがイノベーションではありません。社会のイノベーションを柔軟な発想と豊かな感性、自己実現にむけての強い意志によって、もたらそうではありませんか？ ワークライフバランスや地球の持続にむかって社会を変える、そのためにお茶大生の活躍を期待しています。