



客員教授 藤 博 幸 Professor: Hiroyuki Toh, Ph.D.

Professor : Hiroyuki Toh

E-mail : [toh-hiroyuki@aist.go.jp](mailto:toh-hiroyuki@aist.go.jp)

### 研究概要

配列や立体構造などの分子生物学的データに基づく進化研究は分子進化学とよばれており、現在のバイオインフォマティクスの基礎を形作ってきた学問分野である。生物はその進化の過程で、ゲノムにコードされている情報を変化させ、多様な機能を獲得してきている。逆に、その進化の過程を追跡して、そのような機能が実現されてきた過程を再構築できれば、生物を理解する上で役に立つ情報を得る事が期待される。また、これらの解析によって得られる進化的情報は、創薬やタンパク工学などの分野へも応用することができる。我々の研究室では、遺伝子の塩基配列、タンパク質のアミノ酸配列や立体構造、ゲノム・データ、発現プロファイルといった様々な分子生物学的データからの生物学的な機能情報の抽出を行う事を目的として、進化的な視点に基づいた新規の方法の開発と応用研究を行っている。

本研究室で開発し、計算サービスを行っているSEALAのトップページ

<http://seala.cbrc.jp/~SEALA/>

Evolutionary studies based on molecular biology is called “molecular evolutionary biology”, which is one of the major sources of bioinformatics. Living organisms have acquired a wide variety of functions during the course of the evolution by changing the information encoded by the genomes. Inversely, reconstruction of the evolutionary history about the function would bring us great insight into the function. In addition, such evolutionary information is useful for practical problems such as drug design and protein engineering. We develop new methods to extract biological knowledge by using evolutionary information from sequence data, structure data, genomic data, and post-genomic data. We also investigate individual problems of molecular biology from evolutionary viewpoint.

### Major Publications:

1. Johansson, F., Toh, H. A comparative study of conservation and variation scores. **BMC Bioinformatics** 11, 388., 2010
2. Katoh, H., Toh, H. Parallelization of the MAFFT multiple sequence alignment program **Bioinformatics** 26, 1899-1900., 2010.
3. Johansson, F., Toh, H. 2010 Relative von Neumann entropy for evaluating amino acid conservation **J Bioinform Comput Biol.** 8, 809-823.
4. Sato, T., Yamanishi, Y., Kanehisa, M., Horimoto, K., Toh, H. Improvement of the mirrortree method by extracting evolutionary information. (review) In: Sequence and Genome Analysis (ed. Zhao, Z.) iConcept Press (in press) .
5. Ebina, T., Toh, H., Kuroda, Y. DROP: An SVM domain linker predictor trained with optimal features selected by random forest. **Bioinformatics** (in press)