

分野融合ヘルスケア研究チーム

東海大学医学部医学科 講師
東海大学マイクロ・ナノ研究開発センター 所員
中川 草
(2020年4月1日掲載, 聞き手 高橋)



—これまでの研究内容を教えてください。

私はウイルス、細菌といった微生物から、我々ヒトを含めた動物まで、様々な生物のゲノム・遺伝情報の解析を行っています。特に、大規模塩基配列を活用した分子進化・比較ゲノム研究に関しては、2017年に日本進化学会の研究奨励賞を受賞しました。

2008年から2011年には国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ 研究センター(五條堀孝研究室)に博士研究員として在籍し、原核生物(細菌・古細菌)の蛋白質の翻訳開始メカニズムの進化を大規模な比較ゲノム解析によって明らかにしました(業績1)。2011年から2013年に米国ハーバード大学 進化生物学科(Daniel Hartl 研究室)に客員研究員として在籍し(日本学術振興会特別研究員)、多重遺伝子族のフォークヘッド型転写因子(Fox 遺伝子)について、その起源と配列の進化、そして結合するDNA配列の変化について大規模な比較ゲノム解析によって明らかにしました(業績2)。本研究成果はScience 誌の Editors' Choice でも紹介されました。

2013年から現在の所属先に移動し、宿主ゲノムに内在化したウイルス配列(EVE)に関する研究を本格的に開始しました。ウシのゲノムに内在化したレトロウイルス由来の配列が胎盤発生に関与することを発見しました(業績3-5)。更に、それらのウイルスに由来する遺伝子の進化モデルについて、重複遺伝子の進化モデルと比較して、「バトンパス仮説」というモデルを発表しました(業績6)。EVEに関するデータベースを開発・運用しています(業績7, <http://geve.med.u-tokai.ac.jp>; 業績8, <http://peve.med.u-tokai.ac.jp>)。加えて、ウイルスと宿主の進化解析も行っていて、エボラウイルスの感染効率上昇に関わる突然変異について、大規模塩基配列を活用した正の淘汰解析から明らかにしました(業績9,10)。現在パンデミックになっているコロナウイルスに関しても研究を開始しました(業績11)。

—マイクロ・ナノ研究開発センターでの活動について教えてください。

大規模塩基配列を活用したさまざまな解析を行っています。医理工融合メディカル研究チームの大友先生、医理工融合マテリアル研究チームの岡村先生らと共同して、マウス神経細胞を溝加工したナノシート上で培養させると分化誘導がうまくすすむことを発見しました(業績12)。加えて、医理工融合メディカル研究チームの三橋先生らと共同して、ナノポア技術を元にしたDNAシーケンサーMinIONを活用した様々な研究などにも取り組んでいます(業績13-15)。

ー研究のモチベーションは何ですか？

私は生命の起源や進化に興味があります。現在、主な研究対象としているウイルスは、生命と非生命の境界領域に存在していて、その存在や振る舞いが非常に興味深いです。注意してほしいのですが、ウイルスはコロナウイルス、インフルエンザウイルスなど、病気を引き起こすイメージがあると思いますが、ほとんどのウイルスは病気とは関係がありません。そういった病気とも関係ないウイルスについても、環境や生体でさまざまな機能を担っていることがわかってきています。そういったところに興味があります。また、私の研究は自身で完結することが少ないので、様々な共同研究者の方々と協力して行うことが多いです。そのような共同研究者の方々、このマイクロ・ナノ研究開発センターの方含めてですが、素晴らしい方々が多く、いつも教わることも多く、いろいろな刺激になります。

ー社会に役立つイノベーションとは。

これはなかなか難しい質問ですね。私は最近大規模メタゲノムシークエンスデータからのウイルス同定ということに取り組んでいます(業績16, 17)。主にほ乳類や鳥類を対象としているのですが、これがなかなか医学研究に直接役立つとは思われません。ただ、2019年末から始まった新型コロナウイルスなどが典型例ですが、いま感染症分野で恐れられているものは、ほとんどがほ乳類や鳥類が日和見的に感染しているウイルスが元になって起こります。新型コロナウイルスについても、コウモリやセンザンコウといった生き物から見つかったウイルスが類似していて、おそらく起源となったであろうと考えられています。コウモリやセンザンコウでみつかったウイルス配列が新型コロナウイルスの性状解析にも役立つと考えられています。このように、大学では一般企業とは異なり、一見すると遠回りかもしれませんが、なにかの機会に役に立つような研究を積み上げておくことも重要なイノベーションにつながるのではないかと考えています。

ー学生の皆さんへメッセージをお願いします。

自分の好きなこと、そして得意なことをぜひ見つけられたいと思います。そして、社会との接点を意識しつつ、その見つけたことに邁進してください。全部を自分で抱え込んで行う必要はないので、いい仲間も見つけるのも重要です。これは研究に限らず、さまざまな分野に進んだときも、同じように大切だと思っています。

医学部医学科 講師 中川 草（なかがわ そう）

2008年 東京医科歯科大学 大学院生命情報科学教育部 博士後期課程修了、博士(理学)。国立遺伝学研究所 生命情報・DDBJ研究センター 博士研究員、ハーバード大学 客員研究員を経て、2013年より東海大学医学部 分子生命科学 助教、2018年より講師(現職)。

専門は比較ゲノム解析。ウイルス、細菌から哺乳類までを研究の対象としてゲノム・トランスクリプトーム解析に取り組む日々。

Researchmap: <https://researchmap.jp/sounaka>

Scopus Author ID: 12143870400

業績: 公刊論文など(抜粋) 中川 草

(*は責任著者、+は共同筆頭著者、研究代表者と分担者を下線で示した、全て査読あり)

1. Nakagawa S et al. Dynamic evolution of translation initiation mechanisms in prokaryotes. Proc Natl Acad Sci U S A. 107(14):6382-7. 2010 [PNAS PDF](#)
2. Nakagawa S et al. DNA-binding specificity changes in the evolution of forkhead transcription factors. Proc Natl Acad Sci U S A. 110(30):12349-54. 2013 [ResearchGate PDF](#)
3. Nakagawa S et al. Dynamic evolution of endogenous retrovirus-derived genes expressed in bovine conceptuses during the period of placentation. Genome Biol Evol. 5(2):296-306. 2013 <https://academic.oup.com/gbe/article/5/2/296/559744> [PDF](#)
4. Nakaya, Y. et al. (著者5人中、中川3番目) Fematrin-1 is involved in fetomaternal cell-to-cell fusion in Bovinae placenta and contributed to diversity of ruminant placentation. J Virol. 87(19):10563-72. 2013 [ResearchGate PDF](#)
5. Sakurai T (著者12名中、中川2番目) Novel endogenous retrovirus-derived transcript expressed in the bovine placenta is regulated by WNT signaling. Biochem J. 474(20):3499-3512. 2017 <https://doi.org/10.1042/BCJ20170531> [PDF](#)
6. Imakawa K*, Nakagawa S, Miyazawa T. Baton pass hypothesis: Successive incorporation of unconserved endogenous retroviral genes for placentation during mammalian evolution. Genes Cells. 20, 771-788. 2015 (総説) [Wiley](#)
7. Nakagawa S* and Takahashi MU. gEVE: a genome-based endogenous viral element database provides comprehensive viral protein-coding sequences in mammalian genomes. Database (Oxford). 2016: baw087. 2016 <https://doi.org/10.1093/database/baw087>
8. Kryukov K et al. (著者5人中、中川*5番目) Systematic survey of non-retroviral virus-like elements in eukaryotic genomes. Virus Res. 262:30-36. 2019 [ScienceDirect PDF\(関係者のみ\)](#)
9. Ueda MT et al. (著者9名中、中川*9番目) Functional mutations in spike glycoprotein of Zaire ebolavirus associated with an increase in infection efficiency. Genes Cells. 22(2):148-159. 2017. [Wiley PDF 東海大学公式ウェブサイト2017年1月13日](#)
10. Kurosaki Y et al. (著者7名中、中川*7番目) Different effects of two mutations on the infectivity of Ebola virus glycoprotein in nine mammalian species. J Gen Virol. 99(2):181-186. 2018 [Microbiology](#)
11. 宮沢孝幸、中川草「新型コロナウイルスSARS-CoV-2の比較ウイルス学と比較ゲノム解析」実験医学 38 (8): 1338-1347. 2020 (総説) [羊土社実験医学でのWeb先行公開](#)
12. Otomo A†*, Ueda M† et al. (著者9名中、中川*9番目) Efficient differentiation and polarization of primary cultured neurons on poly(lactic acid) scaffolds with microgrooved structures. Sci Rep, in press. 2020 [Biorxiv PDF](#)
13. Mitsuhashi S†, Kryukov K†, Nakagawa S† et al. A portable system for rapid bacterial composition analysis using a nanopore-based sequencer and laptop computer. Sci Rep. 7(1):5657. 2017 [Scientific Reports PDF](#)
14. Mitsuhashi S et al. (著者6名中、中川2番目) Nanopore-based single molecule sequencing of the D4Z4 array responsible for facioscapulohumeral muscular dystrophy. Sci Rep, 7: 14789. 2017. [Scientific Reports PDF](#)
15. Nakagawa S et al Rapid sequencing-based diagnosis of infectious bacterial species from meningitis patients in Zambia. Clin Transl Immunol. 8: e1087. 2019 [Ncbi PDF](#)
16. Sakaguchi S et al. (著者13名中、中川2番目) Molecular characterization of feline paramyxovirus in Japanese cat populations. Arch Virol. 165(2): 413-418. 2020 [Springer](#)
17. Mukai et al. (著者11名中、中川4番目) Identification of a distinct lineage of aviadenovirus from crane feces. Virus Genes. 55(6): 815-824. 2019 [Springer PDF\(関係者のみ\)](#)