

BIO JAPAN 2026

パートナーング用開示資料

Technology Brief for partnering

深層学習による微生物の至適温度推定技術

Predicting Optimum Growth Temperature Using
Deep Learning

石谷 孔司

Koji Ishiya



タイトル

深層学習による微生物の至適温度推定技術

概要

微生物の至適温度域を学習した深層学習モデルにより、ゲノム配列(部分配列)から、その微生物が最もよく育つ温度を10秒以内で予測します。混合微生物叢を構成する各微生物の至適温度を考慮した培養条件の探索、耐熱性酵素を保有する可能性の高い微生物の探索、微生物の温度適応性を踏まえたモニタリング・リスク評価などに活用できます。

解決する課題

新しい菌株や培養しにくい微生物では、どの温度から培養を始めるか分からず、多くの条件を試す必要があり、時間やコストなどが多くかかります。

技術の特徴(4点)

1. ゲノム配列をそのまま入力でき、事前の遺伝子予測やアミノ酸への翻訳は不要。
2. 1ゲノムあたり10秒以内で実行でき、多数の検体をまとめて処理可能。
3. 比較した既存技術において最も高い精度で予測 (試験データ: $R^2=0.9420$)
4. 培養条件探索、耐熱性酵素探索、微生物のモニタリング・リスク評価などに応用可能。

技術成熟度

解析プログラムを実装済み。オフライン環境での提供も相談可能。

知財状況

特願2025-128667号(情報処理システム、情報処理方法、及び、プログラム)

想定連携先 (連携スキーム)

養殖業、食品メーカー(水産・発酵・冷蔵食品分野)、環境アセスメント・環境コンサル、衛生検査・環境分析会社。共同研究、ライセンス・事業化パートナーを希望。



ゲノム配列から、培養の温度条件を探る



使い方の例

- 培養しにくい微生物の開始温度を決める
- 新しい菌株や有用菌株の候補を絞る
- 物質生産に使う菌の培養温度を検討する
- 多数の細菌に優先順位を付ける
- 養殖水槽などの温度管理に役立てる

試験データでの予測精度

$$R^2 = 0.9420$$
$$RMSE = 2.0051$$

R^2 (決定係数): 予測値が実測値をどの程度よく説明できているかを示す指標。1に近いほど予測精度が高い。

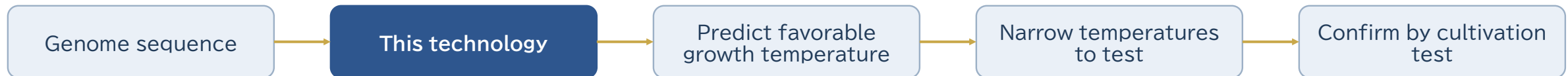
RMSE(二乗平均平方根誤差): 予測値と実測値のずれの大きさを示す指標。0に近いほど誤差が小さい。既存技術では、5~13程度だった。



Title	Predicting Optimum Growth Temperature Using Deep Learning
Summary	A deep-learning model trained on microbial optimum growth temperatures (OGTs) predicts, within 10 seconds, the temperature at which a microorganism grows best from an input genome sequence or partial sequence. OGTs of individual microorganisms in a mixed microbial community can be used to identify suitable cultivation temperatures, as well as for thermostable-enzyme discovery, monitoring, and risk assessment.
Problem	For new strains and hard-to-culture microorganisms, the starting cultivation temperature is often unknown. Testing many conditions requires substantial time and cost.
Technologies	1. Direct genome-sequence input; no prior gene prediction or amino-acid translation required 2. Processes one genome within 10 seconds; multiple samples can be analyzed in batches 3. Highest predictive accuracy among existing methods (test data: $R^2 = 0.9420$) 4. Applications: cultivation-condition exploration, thermostable-enzyme discovery, and microbial monitoring and risk assessment
TRL	Analysis software implemented. Offline deployment can be discussed.
IP	Pending (unpublished) Applicant: Kanazawa University
Collaboration Scheme	Potential partners: aquaculture, food (seafood, fermentation, refrigerated foods), environmental consulting, and testing/analysis companies. Joint research, licensing, and commercialization partnerships are welcome.



Exploring Cultivation Temperatures from Genome Sequences



Examples of Use

- Determine starting temperatures for hard-to-culture microorganisms
- Narrow candidates for new or useful strains
- Evaluate cultivation temperatures for production strains
- Prioritize large bacterial collections
- Support temperature management for aquaculture tanks

Predictive performance on test data

$$R^2 = 0.9420$$
$$RMSE = 2.0051$$

R^2 (Coefficient of Determination): An indicator of how well the predicted values explain the observed values. The closer R^2 is to 1, the better the prediction accuracy.

RMSE (Root Mean Squared Error): An indicator of the magnitude of the difference between predicted and observed values. The closer RMSE is to 0, the smaller the prediction error. With existing methods, RMSE values were approximately 5–13.

ご関心をお持ちいただきありがとうございます。

Thank you for your interest.

Contact

Kanazawa University TLO

Please contact us via the BioJapan partnering system or E-mail below.

E-mail: info@kutlo.co.jp