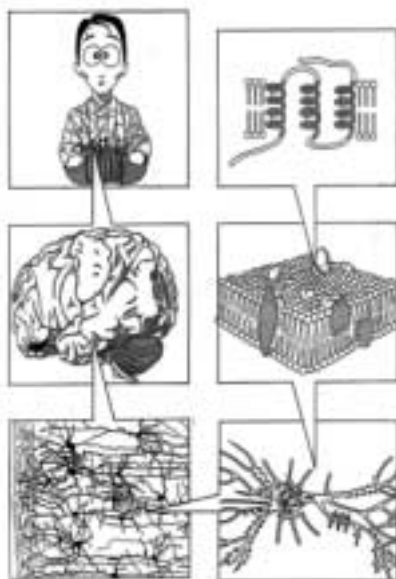


出展責任者 美宅成樹

所属

東京農工大学工学部生命工学科

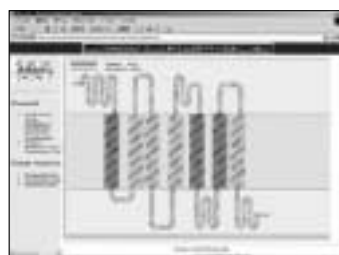
細胞(生物)は、色々なタンパク質の働きによって生きています(図1はからだとタンパク質の間に色々な階層があることを示しています)。タンパク質は、様々な形をとることを通して、様々な機能を行っています。それらすべてが組み合わせられて、生命が維持されているのです。しかし、1つの細胞が持つタンパク質の形や働きは、まだまだ分かっていないものが多く、コンピュータでそれを予測しようというゲノム情報の研究が期待されています。特に、細胞内外の情報伝達、物質輸送などの働きを持つ膜タンパク質は立体構造を解明することが難しいのですが、それを予測するソフトウェアシステムの開発を進めています(図2は私たちの膜タンパ



(図1) からだと膜タンパク質の間

ク質予測システムのホームページです)。私たちの研究で、生物種によって特定の機能の膜タンパク質が多い場合があること、しかし生物種によらない共通の性質が見られ、タンパク質の1/4は膜タンパク質であることなど、色々なことが分かってきました。

どんなやり方で、どんな予測ができるのか、是非ポスターを見ながら質問してください。



(図2) 膜タンパク質予測システムの結果のページ

D 22 並列計算環境を用いた細胞内生体反応ネットワークの構造推定

出展責任者 浅井 潔

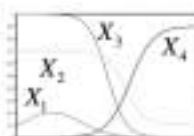
所属

産業技術総合研究所CBRC

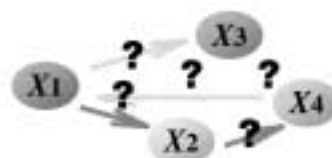
生命の最小単位である細胞の内部には、非常に多くの化学物質があり、また非常に多くの化学反応が行われている。細胞は、遺伝子のスイッチオン、オフによってさまざまな働きをするが、それは何十段、あるいは何百段もの化学反応の連鎖の結果であると考えられている。ある化学反応の結果として生じる物質が、次の化学反応の材料になったり、他の化学反応を進めるための触媒になったりしている。またある物質を生じる反応は一つだけではないことも多い。細胞内の化学反応は複雑に絡み合って、巨大なネットワークを形成している。
どんなネットワークなのか、そのほとんどは未知のままである。それを調べるために、

細胞にいろいろな刺激を与えて、どの物質がどう増減するかを実験で調べることがよく行われる。小さなネットワークであれば、その増減の様子をベテランの研究者が見て、そのしくみを推定していくが、物

質の数が数十、数百と多くなると、人間の理解できる範囲を超えてしまう。ここで紹介するのは、これを並列計算機を使って自動化するための研究である。



物質の量の変化を観測し...



反応がどう絡み合っているのかを推定する