

D23 細胞のメカニズムをコンピュータでシミュレーションする～バイオシミュレーション～

コンピュータで生物を理解する

出展責任者 松野浩嗣

所属

山口大学理学部自然情報科学科

生物はみんなDNAと呼ばれる設計図を持っていて、その設計図をもとに造られています。現在、その設計図全部は解読されていません。

今、多くの生物学者がいろんな生物で実験をしながら、設計図の解読をしようと頑張っています。しかし、あまりに設計図が複雑なので、生物を使った実験だけで解読するのは非常に困難なのです。

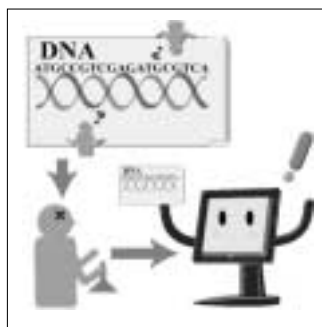
そこで私達は、コンピュータの中でも実験ができれば、もっと簡単に生物学者が設計図を解読できるのではないかと考え、そのためのシミュレーションツールの研究開発をしています。それが、Genomic Object Net(GON)です。

GONはペトリネットという表現方法を基

本にしています。利用者は、GONを用いることで、まるで絵かきツールを使用するような感覚で設計図のモデルを描くことができます。しかも、描いたモデルのシミュレーションを行うことも出来ます。その上、シミュレーション結果をただ数字が並

んだだけの結果として表示するのではなく、グラフやグラフィックで視覚的に表すことも可能です。

今後、さらにGONを改良していくことでゆくゆくはコンピュータの中で生物の実験が出来るようにしたいと考えています。



D24 ゲノムを遺伝子の位置から比較する

コンピュータで生物を理解する

出展責任者 堀本勝久

所属

東京大学医科学研究所

現在、たくさんの生物のゲノムのすべての遺伝子配列が実験によって決定されています。これら全配列が決定されたゲノムの多くは、微生物のゲノムであり、微生物ゲノムは多くの場合丸い形(環状)をしています。したがって、微生物では遺伝子が円の上に並んで存在しています。また、通常二つのゲノムを比較するには、その配列自体を比較する方法がまず考えられますが、この比較方法とは異なって、大まかなゲノム全体を比較する方法として、遺伝子の位置を比較する方法が考えられます。ただし、円の上に並んだ遺伝子の位置を比較するには、直線の上に並んだ遺伝子の並びを比較する場合と異なった工夫が必要となります。本が

スターでは、まず、環状のゲノムを遺伝子の位置に基づいて比較する工夫を紹介し、その方法を使って、実際の微生物のゲノムを比較した結果を示します。比較した結果として、同じ位置に存在する遺伝子群が存在すること、最も遺伝子の位置が同じになる方向は、一つのゲノムが二つのゲノムに複製するときそれが開始される位置が一致する方向であること、などが判りました。

