

D25 コンピュータを使って複数の遺伝子の関わりを調べよう

出展責任者 花井泰三 / 岡本正宏

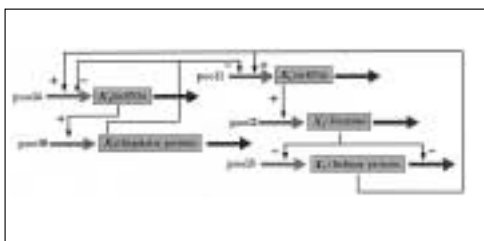
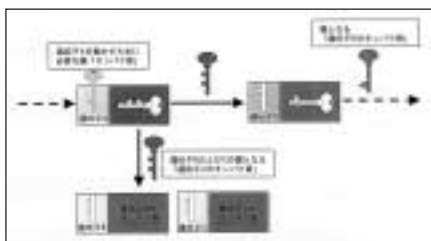
所属 九州大学大学院農学研究院

生命の内部では、遺伝子が働いてタンパク質が作られます。そして、この作られたタンパク質が、次の遺伝子を動かすきっかけになって、タンパク質を作ることが多くあります。また時としては、働いている遺伝子を止めるきっかけになることもあります。このように生命の内部では、たいへん多くの遺伝子やタンパク質がお互いに関係して、生命が「生きること」ができるようにうまくコントロールされています。

遺伝子やタンパク質の個々の働きを明らかにしたり、いくつかの遺伝子の関係を明らかにする実験は様々に行われておりますが、人では約35000個の遺伝子があると推定されており、それらの関係は複雑で全体の仕組みを調べることは難しいと考えられています。しかし、最近、細胞の中の遺伝子の働いている量を一度に測ることのできるDNAチップと呼ばれるものが開発されて、ここから得られる情報を

用いて、遺伝子同士の複雑な関係が、明らかにできるのではないかと非常に期待されています。私たちは、コンピュータを使って、DNAチップ実験から得られた結果から、複数の遺伝子の関わりを調べる研究を行っております(図は遺伝子同士の関係を表しています)。

どのような方法で、どのような結果が得られるのか、詳しく説明致しますので、ポスターをぜひ見に来て下さい。



D26 コンピュータで制御配列を予測する

出展責任者 丸山 修

所属 九州大学大学院数理学研究院

生命活動は正常な遺伝子の発現により営まれます。この遺伝子の発現は転写というDNA配列のコピーを作る機構に多くを依存しています。この転写開始のスイッチの役割を担うものが転写因子というタンパク質複合体です。これらが遺伝子のコード領域の上流領域に存在する転写制御配列とよばれる特別な比較的短い領域を標的として結合することにより転写のプロセスが開始されます。この生命活動に不可欠な短い配列を大量のゲノムデータからコンピュータで見つけ出す方法(アルゴリズム)がComputational Biologyという新しい分野で盛んに研究されています。これらの研究成果をいくつか紹介したいと思います。

