

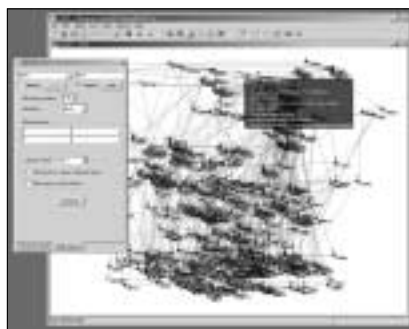
出展責任者 宮野 悟

所属 東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター

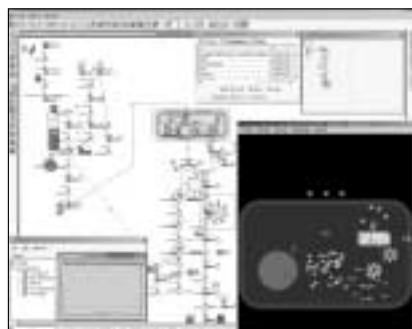
細胞や組織で営まれている生命のメカニズムをコンピュータ上でシミュレートし、現象を予測できたら。それは、生物学の研究や創薬・治療法の開発などに大きな変革をもたらすことが容易に想像できます。これは、現実の話になろうとしています。特定の遺伝子を破壊したりすると、その遺伝子が影響を与えている遺伝子群の発現に影響がでます。cDNAマイクロアレイという技術を使うと、ちょうど人工衛星から地球の変化を調べるように、全部の遺伝子についてこの変化を調べることができます。バイオインフォマティクスは、この変化の情報から、遺伝子どうしが作っているネットワークを推定できるのです(図1)。この遺伝子ネットワークを解

析すると、例えば、薬のターゲットとなる遺伝子などを見つけることができます。さらに、遺伝子や蛋白質などが織り成している複雑な生命のメカニズム、

中でも、代謝、遺伝子制御、そしてシグナル伝達などのネットワークをモデル化しシミュレーションすることもできるソフトウェアも開発されています(図2)。



(図1) 遺伝子ネットワークの解析



(図2) シミュレーションソフトウェアGenomic Object Net

出展責任者 堀本勝久

所属 東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター

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。

