

D 27 遺伝子配列データおよび 遺伝子発現データを分類するための情報技術

コンピュータで生物を理解する

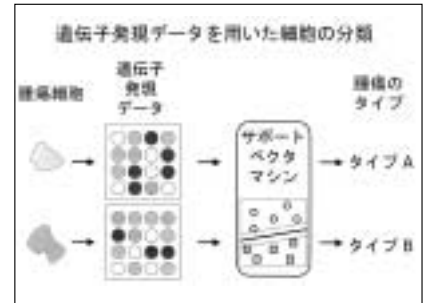
出展責任者 阿久津達也

所属 京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター

ヒトには数万の遺伝子があると言われて
いますが、まだ、機能のわからない遺伝子
が数多くあります。そこで、遺伝子配列デ
ータからコンピュータにより機能を予測す
るため情報技術を多くの研究者が研究
しています。また、遺伝子の発現量(遺
伝子の作るタンパク質の量)とがんなど
の病気には関係がある場合が多いので
すから、遺伝子発現データを用いて、よ
り精度の高い診断(どの病気かの予測)を
行う方法についても多くの研究者が研
究しています。

配列データや遺伝子発現データから高
精度の「予測」を行うためには、今までに
わかっているデータをできるだけいかに
「分類」することが重要です。そこで、私

たちは、配列データや発現データを、でき
るだけきれいに分類するための情報技術
の研究を行っています。そのために最近、
私たちはサポートベクタマシンと呼ばれる
情報技術(マシンとは言っても単なるプ
ログラムのようなものです)を用いた研究
を行っています。このサポートベクタマシ
ンを用いて、配列データおよび発現デー
タを、どのように分類し、予測するのにか
ついて、デモも交えて説明いたします。



D 28 遺伝子の中の不思議な存在: イントロンは何のためにある?

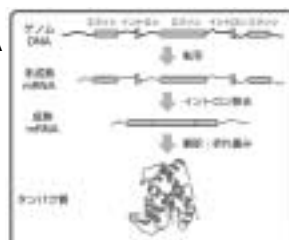
コンピュータで生物を理解する

出展責任者 郷 通子

所属 名古屋大学大学院理学研究科生命理学専攻

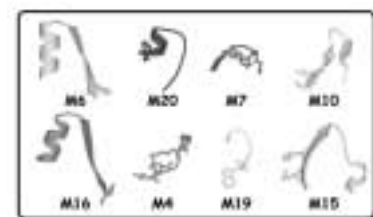
遺伝子DNAにはタンパク質の設計図が
描かれています。タンパク質は様々な生
命活動を担う働き手です。ヒトやメダカ、
イネなどの遺伝子では、エクソンとイント
ロンが交互に並んでいます(図1)。エク
ソンはタンパク質の設計図(情報)です
が、イントロンはタンパク質の情報をもち
ません。イントロンは意味のない、ただ切
り捨てられるDNAのように見えます。な
ぜ、生物はイントロンをもつのでしょうか?
このなぞを解くヒントはタンパク質にあり
ます。タンパク質はモジュールと呼ばれる
小さな部品のつながりであることが、日本
で最初に発見されました。多くのイント
ロンを調べたところ、モジュールとモジュ
ールのつながり目が見つかることがわかりま

した(図2)。これは、エクソンがひとつの
モジュールが連結した2つ以上のモジュ
ールに対応することを示しています。さら
に、モジュールはタンパク質の働き(機能)
を担っていることも、わかってきました。生
物は進化の過程で、モジュールをつなぎ
合わせて、さまざまな機能をもつタンパク
質をつくってきました。イントロンはエク
ソン(モジュール)をつなぎ替えるのりしろ
の役割をする大切なDNA
なのです。



(図1) 遺伝子からタンパク質へ

(図2) キシラン分解酵素のモジュール
構成(312残基、22モジュール)



(図3) キシラン分解酵素におけるキシラン結合に
関わるモジュール(豆細工モデルは基質結合残基)