

## E31 コンピュータによる生命現象の表現 ～ バイオシミュレーション ～

ゲノム情報を解析する

展示責任者 松野浩嗣

展示責任者所属

山口大学理学部自然情報科学科

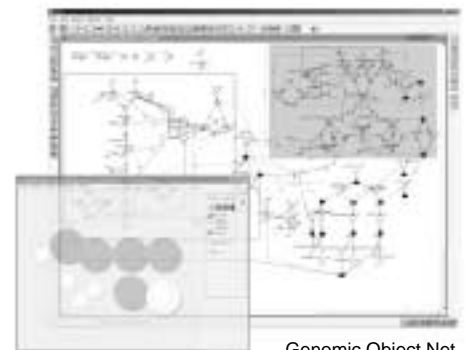
私たちは生物の身体の中でおきている様々な生命現象をコンピュータの中で表現することにより、現在の生物実験をより効率的に進めるお手伝いができればと思い日々研究を行っています。現在多くの研究者達がこれを実現するためにたくさんのツール(バイオシミュレーションツール)を作成していますが、我々は「誰もが簡単にシミュレーションができる」ことを目指した、「Genomic Object Net」と呼ばれるツールを使用しています。

今回は細胞が増えていく(細胞周期と細胞分裂)様子や、ショウジョウバエなどの神経が作られる(細胞分化)様子をモデル化してみました。現在、哺乳類生物の癌研究分野においては「細胞周期制御異

常」が発癌と悪性化に繋がると言われているくらい「細胞周期」の研究が注目を集めています。よって細胞周期の研究が進めば、癌治療の役に立つでしょう。また、私達の身体が出来る過程の謎を解き明かすためには、細胞分化の研究が重要であると考え、研究を進めております。



細胞分裂



Genomic Object Net

## E32 ヒトゲノムには、 どんな情報が潜んでいるのでしょうか?

ゲノム情報を解析する

展示責任者 矢田哲士 / 後藤 修

展示責任者所属

京都大学大学院情報学研究科

ヒトゲノムは、A、C、G、Tの4種類の塩基が、30億個も一列に並んだ文章にたとえられます。

このたった4つの文字で出来上がった長いこの文章には、ヒトのからだを形作るために必要な全ての情報が記されていると考えられています。今回、ヒトゲノムプロジェクトは、この文章の文字の並びを明かにすることに成功しました。そして、次の目標は、この文章に書かれている内容を理解することです。

その手始めに、この文章の中から、遺伝子について書かれている箇所を取りだそうとする試みが行われています。なかでも、タンパク質を作りだす遺伝子は、からだ作りの部品や道具になるとても大切な

情報なのです。

現在、世界中の研究者が、ゲノム配列から遺伝子を探し出す研究に取り組んでいます。ところが、ゲノム配列の並びは、たために見え(上図)、この文章の解読方法は、未だ謎の部分が多く残っています。ここでは、世界の第一線で活躍している日本の研究者が集まり、ゲノム文章の解読方法を明かにしようとするプロジェクトを紹介します(下図)。そこでは、その解読方法を使って、ヒトゲノムから、タンパク質を作りだす遺伝子を余すところなく発見しようとしています。

