

C29 タンパク質のネットワークを解析するためのデータベースBRITE

はたらくゲノム-タンパク質

展示責任者 五斗 進

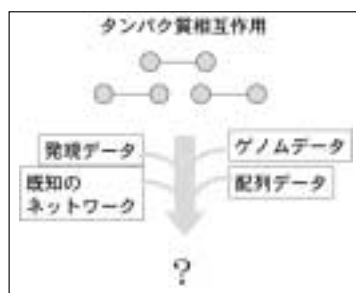
展示責任者所属

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

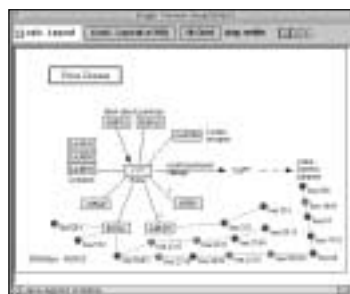
細胞(生物)は、様々なタンパク質が協力して働くことによって生きています。協力して働くというのは、タンパク質が別のタンパク質やその他の化合物と相互作用しているということです。相互作用の情報をゲノムだけから明らかにするのは不可能なので、ポストゲノムプロジェクトとしてタンパク質間相互作用を網羅的に抽出してくる実験技術が開発されてきました。その結果、膨大な相互作用のデータが蓄積されつつあります。しかし、これらが本当に意味のあるデータなのか、意味のあるデータだとしたらどのようにしてその意味を調べればよいのかといったことは、これからの課題として残されています(図1)。

私たちは、相互作用しあっているタンパク質の関係を収集し、それから「タンパク質が細胞内でどのようなネットワークを作っているのか」をコンピューターで調べるためにBRITEというデータベースを作っています。図2は、新しく分かった相

互作用の情報を既知のネットワークに重ね合わせたものです。新しい相互作用に含まれるタンパク質が示されています。どんなやり方で、どんな知識を調べることができるのかを、ぜひポスターを見ながら質問して下さい。



(図1) 相互作用からの知識抽出



(図2) 新しい相互作用を既知のネットワークに重ね合わせた例

C30 大腸菌の遺伝子発現ネットワークを解明する

はたらくゲノム-タンパク質

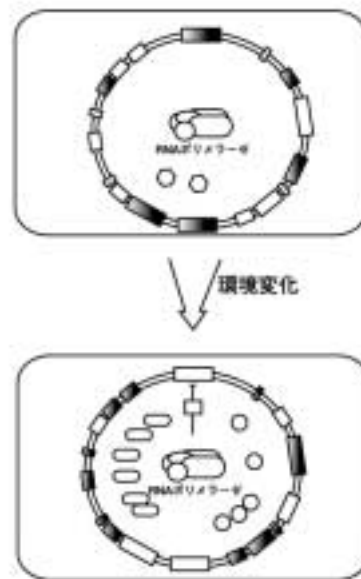
展示責任者 山本兼由

展示責任者所属

近畿大学農学部農芸化学科

1細胞で1個体を形成する単細胞生物である大腸菌は、動物体内だけでなく、土壌、海中、淡水中、さらには熱帯から冷帯まで様々な自然環境下で生きることができます。大腸菌ゲノムには約4000個の遺伝子がありますが、これらが一度に働いている訳ではありません。様々な自然環境に応じて、巧みに働かせる遺伝子を変化させることで適応し、生存しているのです。しかし、4000遺伝子が選択される仕組みの全体像はよく分かっていません。働く遺伝子の選択は、主として始めの反応、RNAポリメラーゼによるメッセンジャーRNA合成(転写)で行われ、転写因子と呼ばれるタンパク質が、環境変化を感知して、RNAポリメラーゼの働きを促

進、抑制することが分かってきました。大腸菌は約250個の転写因子を持っていますが、無数に存在する自然環境変化に対する遺伝子の選択は、この限られた仕組みでどのように行われているのでしょうか。私たちは、遺伝学、分子生物学、生物化学的手法を用いて、じつに巧妙に行われる大腸菌ゲノム4000遺伝子選択の全体像(遺伝子発現ネットワーク)の理解を目指し研究を行っています。



(図) 大腸菌転写因子による遺伝子発現