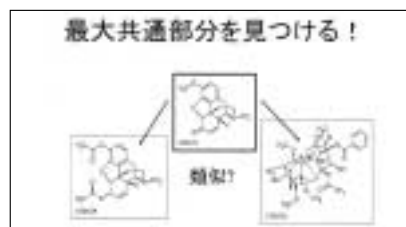
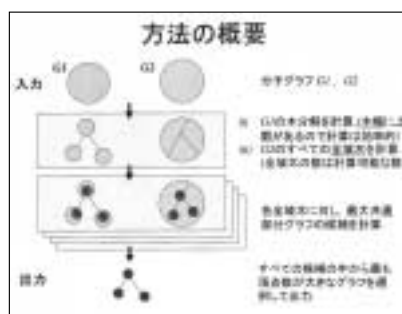
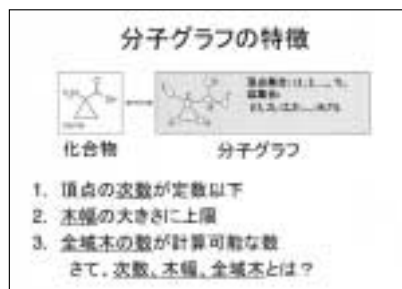


展示責任者 馬見塚 拓

展示責任者所属
京都大学化学研究所

タンパク質の最もポピュラーな機能は、比較的小さな化合物(低分子化合物)が変化する反応を触媒することです。この機能を発揮するために、タンパク質は低分子化合物と結合しなければなりません。タンパク質に結合する化合物は基質と呼ばれ、身近な基質の例として薬を挙げることが出来ます。基質、すなわち化合物は複数の原子の結合により構造が決定されます。ある基質の構造を入力し、もしデータベース内に類似の構造を持つ化合物を見つけたら、類似化合物もまた基質になるかもしれません。つまり、ある薬の構造を入力し、類似の化合物を見つけてくることが出来たら、それは

薬になるかも、さらには、より効き目の高い薬になるかもしれません。私たちは、化合物の構造を「分子グラフ」という表現形でモデル化し、生体内の化合物(基質)の性質を有効に利用した高速な探索手法を開発しました。どのような生体内化合物の性質を利用するのか? さらに、どのような探索手法をするのか? ぜひポスターにいらして質問して下さい。

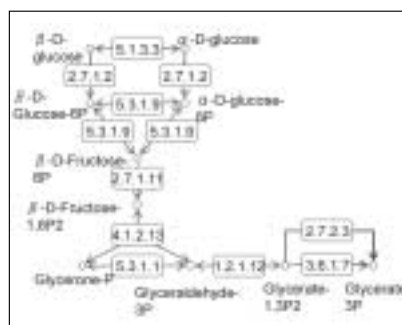


展示責任者 松田秀雄

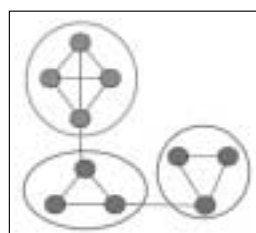
展示責任者所属
大阪大学大学院情報科学研究科

現在、数多くの生物のゲノムから、遺伝子に関するデータが大量に得られつつあります。しかし、多くの遺伝子については、それらが生体内でどのように働いているのか、分からないままとなっています。この対策として、遺伝子の機能に関するデータをうまく整理することが重要です。遺伝子は互いに作用しあって、巨大な遺伝子ネットワークを作り上げています(図1は生体内の代謝ネットワークのごく一部を表しています)。私たちは、このネットワークを解析することによって、遺伝子の機能、ひいては生体システムの解明を目指しています。これにはまず、ネットワーク中で互いに強く影響を及ぼしあっている遺伝子同士

が1つのグループにまとまるように、遺伝子の分類を行います(図2)。こうして遺伝子を整理することによって、遺伝子の機能予測が容易になることが期待されます。私たちは、コンピュータを使うことによって、遺伝子のグループ分けに適切な基準や、そのための手法について、日々研究を進めています。実際にどのような解析を行っているのか、是非ポスターを見ながら質問してみてください。



(図1) 糖の分解を行う代謝ネットワークの一部



(図2) 遺伝子の分類の例