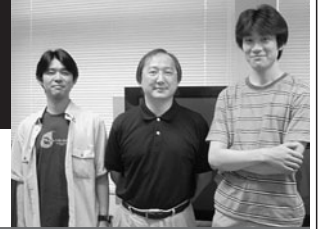


E 31 コンピュータシミュレーションで 効率よく細胞メカニズムを解明する



バイオインフォマティクスが
切り拓くゲノム研究

展示責任者 宮野 悟

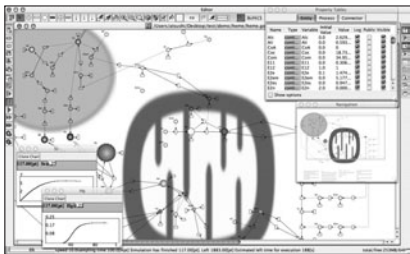
展示責任者所属 東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター

生命現象の解明や新薬の開発には多くの時間と費用が必要です。生命現象の解明のため、実験は避けることはできない状況もありますが、私達はコンピュータを用いることで少しでも不要な実験を減らし世界中の研究者に効率良く実験を進めることができるよう、「誰もが簡単に生命現象をシミュレーション

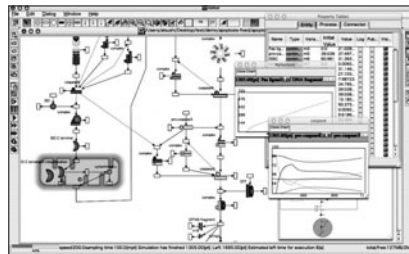
し解析できる」ことを目指したソフトウェア Genomic Object Net(GON)を開発しています。

このGONを用いて、ヘム・鉄代謝パスウェイ(図1) Fasによって誘導されるアポトーシス(図2) 出芽酵母の浸透圧や接合にかかわるMAPKパスウェイ、アフリカツメガエルの細胞増加の様子(細胞

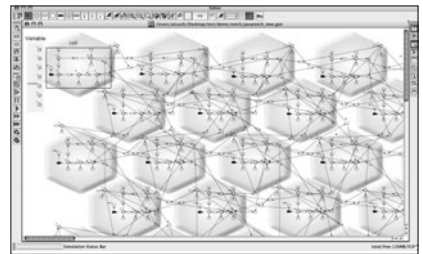
周期と細胞分裂)や、ショウジョウバエの発生の様子(器官形成とパターン形成)(図3)などのモデル化を進めています。生物にはまだまだ多くの謎が複雑に絡み合って構成されています。この謎をできる限り効率よく解読できるよう私達は日夜GONの開発と研究を進めています。



(図1)ヘム・鉄代謝パスウェイ



(図2)Fasによって誘導されるアポトーシス



(図3)ショウジョウバエの器官形成の様子

E 32 ゲノムの数理 ～ 数学で理解する遺伝子のゆらぎ～

バイオインフォマティクスが
切り拓くゲノム研究

展示責任者 合原一幸

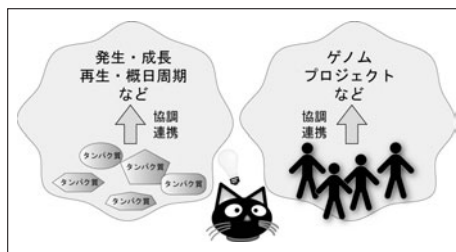
展示責任者所属 東京大学生産技術研究所

遺伝子を鋳型として作られるタンパク質は、それ自体様々な機能をはたしますが、それらが組み合わさってより複雑な機能を実現します。例えばたくさんの人々が協力して1つの大きな仕事を成し遂げるように。

複数のタンパク質が共同して働く時どのような振る舞いを見せるのか、といった問題はまだまだ明らかにされていません。タンパク質間の相互作用は非線形な関係になっていて、全体としての機能が単純に個々の部品の機能を足し合わせたものにはなっていないからです。さらに最近では、この個々の部品の働きには大きなゆらぎが含まれていて、いつも同じように仕事をしてくれるわけでないことがわかってきています。

このポスターでは数学やコンピューターを使って、どのようにして細胞内の遺伝子やタンパク質のゆらぎを記述・解析できるかを紹介し、細胞の中で信頼性の低い

部品を組み合わせにより、信頼できる現象を実現できるのか、みなさんと一緒に考えてみたいと思います。



(図1)私たちが協力して大きな仕事を成し遂げるように、細胞内では複数のタンパク質が共同して働いています。

(図2)私たちがいつも同じように仕事ができるわけではないのと同様、細胞内で作られるタンパク質の量にはゆらぎが大きく、いつも同じではないと考えられています。

