

E 33 遺伝子の形成するネットワークから その機能を探る



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 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

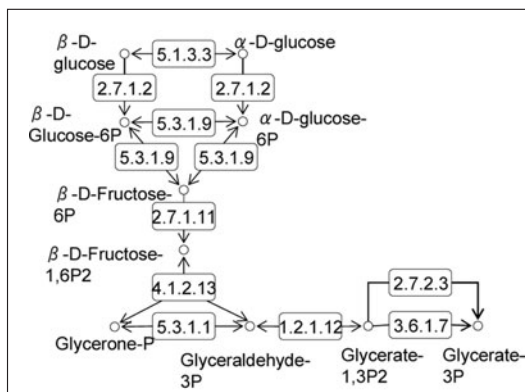
遺伝子は互いに作用しあうことでネットワークを形成し、個々の遺伝子はその中で各自の役割を果たしています。例として、図1は生体内で糖の分解を行う代謝ネットワークの一部を表しています。ここに含まれる遺伝子はごく少数ですが、実際にヒトゲノム全体では遺伝子の数は3万個以上あると言われており、その働き全てを解明することは非常に困難な問題です。

私たちは、コンピュータを使って遺伝子のネットワークを解析する事で、遺伝子の働き、ひいては生体システムの解明を目指しています。一つの方法として、ネットワーク中で互いに強く作用しあっていると考えられる遺伝子同士が1つのグループにまとまるように、遺伝子の分

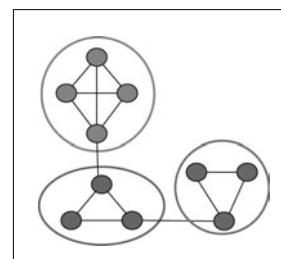
類を行います(図2)。依然として多くの遺伝子の働きは未知ですが、こうして遺伝子を整理することによって、遺伝子の働きを予測することが容易になることが期待できます。

このように、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

E 34 比較ゲノムによる遺伝子制御配列の発見



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 中井謙太
展示責任者所属 東京大学医科学研究所

近年ヒトとマウスのゲノム配列がほぼ解読されました。それらと比較することにより、互いのゲノムが似ている部分と似ていない部分に分けることができます。似ている部分は、ヒトでもマウスでも共通に重要なので、その後の突然変異から守られ、進化的に保存されてきたと考えられます。共通に重要な部分とは、たとえば遺伝子部分です。一般に遺伝子の中でもタンパク質の構造を指令する部分は、良く保存されていることがわかっています。これは、生物種が変わっても、作られるタンパク質の機能はそれほど大きく変化してはならないためです。その一方で、遺伝子はいつどこで発現するのか(スイッチがオンになるのか)が精密に制御されています。この制御は主に転写因

子と呼ばれる一連のタンパク質がDNAに結合することによって行われています。この制御配列をコンピュータで見つけることは非常に難しいのですが、ヒトとマウスなど複数の生物のゲノムを比較して似ている部分を探すことにより、簡単に行

える場合があります。今回私たちは、その比較を簡単にできるツールを用意しました。ぜひあなたも、どの部分が似ているのかを探し出し、制御配列の発見に一役買ってください!!

