

A1 コンピューターの中の生命をしてみよう

ゲノム研究の
緑の下の力持ち

展示責任者 金久 實・服部 正泰

展示責任者所属 京都大学化学研究所

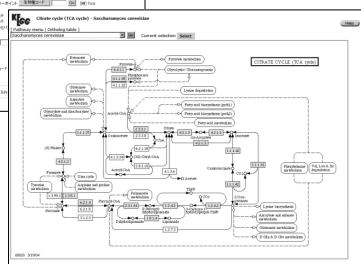
バイオインフォマティクスとは、コンピューターを使って生命現象を研究する学問です。実験による研究と比較すると、多様なデータを網羅的かつ統合的に解析できること、異なる生物種を系統的に比較解析できること、そして実験事実と計算による予測を融合できることが、大きな特色です。研究対象は広範ですが、本研究室では、特に、生体内に存在する分子たち(遺伝子、タンパク質、低分子化合物、糖鎖分子など)の相互作用ネットワークについて、実験的に確かめられた知識をコンピューターで表現し利用するための技術開発とその実用化を行っています。また、ゲノム構造そのものや遺伝子の持っている機能を予測したり、タンパク質分子の相互作用ネットワ

ークを予測したりする研究も行っています。本研究室の成果は、ゲノムネット(ゲノム解析向けのインターネットサイト)を通じて広く世界に公開されており、これ

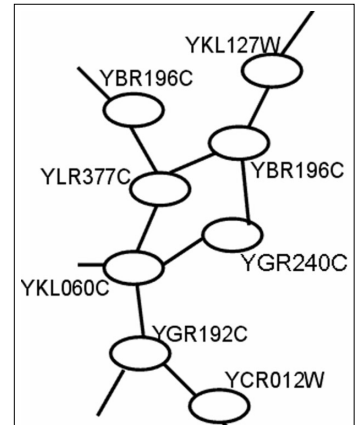
までも高い評価を得てきました。今回の展示では、このような研究を通して、コンピューターの中に描き出された生命の様子を、紹介したいと思います。



(図1) 統合データベース KEGGのトップページ



(図2) 機能が分かっている遺伝子によって構成される分子ネットワーク



(図3) 計算機によって予測された分子ネットワーク

A2 ヒトと大腸菌はどう違う？ —見えてきた不思議なヒトゲノムの世界—

ゲノム研究の
緑の下の力持ち

展示責任者 菅野 純夫

展示責任者所属 東京大学大学院新領域創成科学研究科



ヒトと大腸菌は、どう違う？ 体長でいえば、100万倍。大腸菌には、目も無く、手も無く、脳も無い。ゲノムの大きさでも1000倍。面白いことに、遺伝子数では4倍しか異なる(ゲノムプロジェクトによる大発見!)。で、大腸菌のゲノムには遺伝子がぎっしり詰まっているのに、ヒトのゲノムでは遺伝子がスカスカだ。でも、遺伝子がRNAを作り、そのRNAがタンパク質を作り、そのタンパク質が機能するのは、ヒトでも大腸菌でも一緒だ。昔、賢人は「大腸菌で正しいことは象(ヒト)でも正しい」と言ったけれど、それはそういうこと。ところが最近、ヒトのゲノムから機能のわからないRNAがたくさん読まれていることがわかってき

た。もし、このRNAに機能があれば、ヒトゲノムでも遺伝子がぎっしり詰まっていることになる。でも、そうなれば、ヒトと大腸菌はひどく違うことになる。大腸菌ではわからない、ヒトゲノムの世界の始まりかな？

