

## B3 タンパク質相互作用のコンピュータによる予測と解析



バイオインフォマティクスが  
切り拓く生命科学

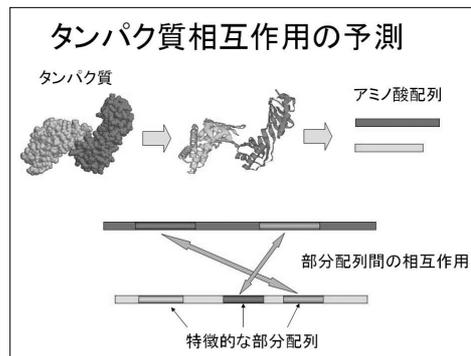
展示責任者 阿久津 達也

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

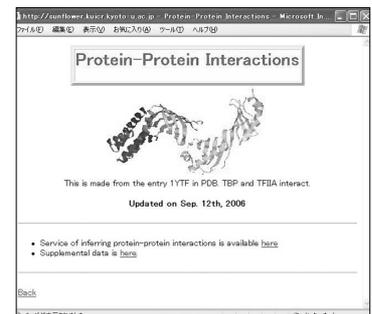
私たちの体の中には数多くのタンパク質が存在し、様々な機能を担っています。あるものは細胞の骨格を形作り、あるものは化学反応の触媒として働き、また、あるものは遺伝子の制御に関わっています。さらに、タンパク質は他のタンパク質と結合することにより、その機能を変化させたり、遺伝子の制御を行ったりします。そこで、どのタンパク質とどのタンパク質が結合するかという情報は、生命のしくみの理解に役立つことになります。このタンパク質の相互作用を生物学的実験により決定することは重要ですが、すべての組み合わせを調べることは困難です。そこで、私たちはコンピュータによって相互作用を推定する方法について研

究してきました。私たちの方法ではタンパク質配列から特徴的な部分配列を抽出し、その部分配列間の相互作用を調べることにより推定を行います。さらに、この研究をもとに、タンパク質の相互作用全体からなるネットワーク

の特徴を再現する数理モデルの開発も行いました。このゲノムひろばでは、私たちの開発した方法の原理についてコンピュータを使ってわかりやすく説明いたします。



(図1) タンパク質間相互作用予測法の概略



(図2) 提案方式に基づき開発したタンパク質間相互作用予測システム

## B4 細菌細胞の増殖を支える遺伝子とタンパク質のネットワーク



バイオインフォマティクスが  
切り拓く生命科学

展示責任者 小笠原 直毅

展示責任者所属 奈良先端科学技術大学院大学情報科学研究科

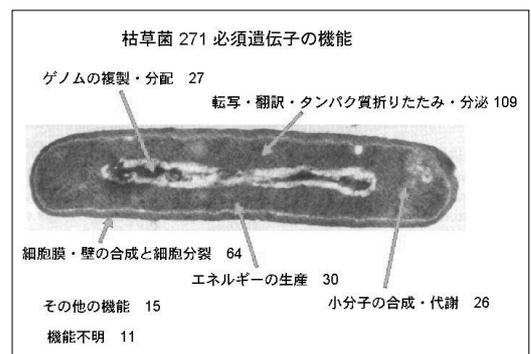
大腸菌や酵母のような、一つの細胞が一つの生物である微生物は、地球上のあらゆる環境で生育しており、物質の循環に関与しています。また、我々の体内や皮膚上では約100兆個の細菌が生きており、我々の健康に密接に関係しています。そのため、我々の健康や地球環境の維持のために、そして、工業的利用のために、微生物の研究は重要です。一方で、様々な遺伝子・タンパク質の働きを知るための、そして、生物の基本単位である細胞を理解するための実験材料として、大腸菌・枯草菌・酵母等が生物学の進歩に大きく貢献してきました。微生物のなかでも、細菌のゲノムサイズは1-10Mbと小さいため、様々な細菌の全ゲノム配列が世界で続々と決められており、その数は

380種を越えています。その結果、様々な細菌を作っている遺伝子の全貌が明らかとなり、それから細胞として生きるための基本的な遺伝子セットや各細菌の個性を決めている遺伝子セットの解明が進めら

れています。また、細胞の中で遺伝子・タンパク質がどのように協調的に働いているかの解明も進んでいます。ここでは、私たちが行っている、大腸菌・枯草菌について、そうした紹介をします。



(図1) 枯草菌の蛍光顕微鏡像：ゲノムDNAを蛍光分子で標識してある



(図2) 枯草菌の271必須遺伝子の機能