

A7 確率統計を使って遺伝子を探そう!



バイオインフォマティクスが
切り拓く生命科学

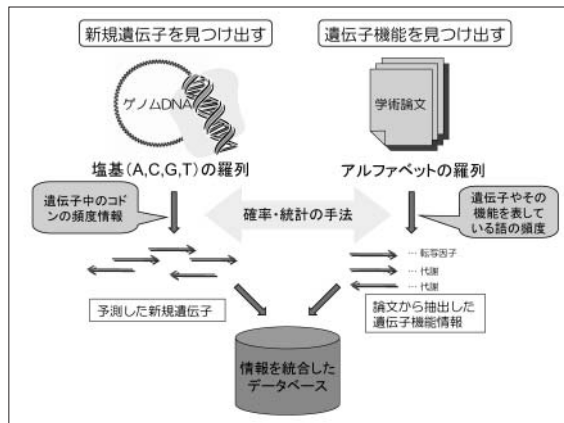
展示責任者 高木 利久
展示責任者所属 東京大学大学院新領域創成科学研究科

現在、さまざまな生物種のゲノムや遺伝子の塩基配列が次々と決定され、データベースとして公開されています。また、個々の遺伝子の生体内での機能や病気との関連なども精力的に研究されており、その成果は論文という形で蓄積されています。私たちの研究室では、単なる塩基の羅列である配列データや、人の言葉で書かれた(コンピュータには理解できない)論文の文章の中から、有用な情報や新しい知見を自動的に抽出するための情報科学的手法の開発を行っています。今回は、ゲノム配列からの新規遺伝子の予測法と、論文からの遺伝子機能に関する情報の抽出法について紹介します。

ゲノム配列からの遺伝子の予測では、

遺伝子領域に出現する塩基の頻度情報が用いられます。また、論文からの遺伝子機能に関する情報を抽出するには、遺伝子の名前と機能を表す単語が同時に使用される(共起)頻度が用いられます。どちらも配列や単語の頻度情報

を用いることで、確率・統計の手法により予測や抽出を行うことができます。ここでは、このような確率・統計を使ったバイオインフォマティクスの研究について具体的に説明します。



A8 シマシマもようのつくりかた

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 近藤 滋
展示責任者所属 名古屋大学大学院理学研究科

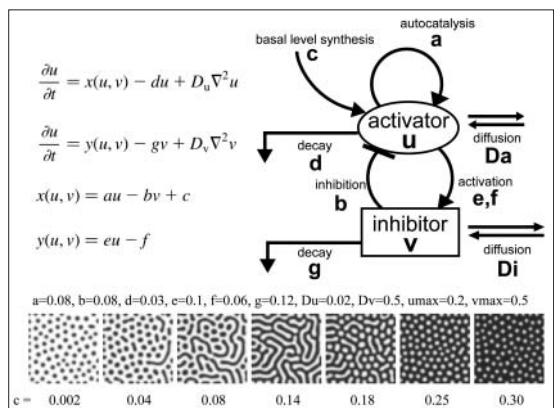
動物園や水族館へ出かけると、いろいろな模様の動物がいることに気がつきます。動物たちの模様、たとえばシマウマのシマシマは、いったいどのようにして作られるのでしょうか? 「シマウマ模様をつくるシマシマ遺伝子」というような便利なものがある、これが働くとみんなシマシマになる、というような単純なお話では、どうやらないようです。模様がでる過程では、たくさんの細胞、分子が複雑に絡み合っていることが予想されています。そのうちのひとつの遺伝子の正体がわかっただけでは「どうやって模様ができるか」という説明にはなかなかつながらない、というのが現状です。模様パターンのつくりかたを知るためには、いろいろな構成要素の間に働く相互作用

について考える必要があります。我々の研究グループでは、「胚発生における位置情報は反応拡散波によって作られる」というアラン・チューリングの仮説に基づき、(1) 動物の体における反

応拡散波の発見、(2) 反応拡散波を構成する分子メカニズムの同定、(3) 反応拡散波が形態形成を制御していることの証明、を目指し、理論解析と実験を組み合わせ研究を進めています。



(図1) シマシマ模様の例(シマウマ)



(図2) チューリング・パターンのシミュレーション