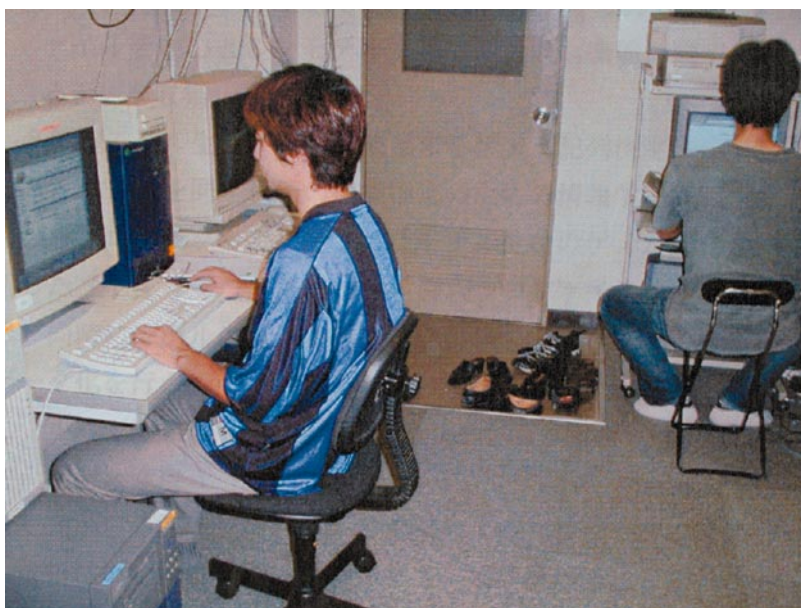


Computational Biology on Genome Function
Based on Expression and Phenotype Data
モデル生物の配列情報と発現・表現型情報に
基づくゲノム機能の情報科学的解明

プロジェクトリーダー 久 原 哲

九州大学 大学院農学研究院 教授



1. 研究の目的

現在までにそのゲノム構造が明らかにされた生物は微生物を中心として25種となり、さらに、線虫に続く多細胞モデル生物のゲノム配列決定が進んでいる。わが国でも未来開拓研究推進事業「微生物ゲノム情報解析」（研究代表者久原）において微生物ゲノム解析のための素配列アセンブルシステムの開発と遺伝子機能の情報科学的研究を進めてきたが、ホヤなど、100-200Mbのゲノムサイズを持つ多細胞モデル生物のゲノム配列決定の推進もわが国で現実の課題となった情勢を踏まえ、多細胞モデル生物を含めたゲノム機能を解明することへ研究の目的を拡大する。特に、ゲノム配列決定と配列からの機能予測のための情報科学的研究に加え、本研究ではDNAアレイ解析及びプロテオーム解析に代表される大量の発現情報や変異株の表現型情報に基づく遺伝子・ゲノム機能の情報科学的解析を行う。また、そのためのDNAチップ等の作成とデータの収集も行う。こうした研究により、遺伝子ネットワークシステム、細胞システム、さらにゲノム機能の総合的な理解が進み、ヒト多因子疾患等の遺伝子システムを理解するための技術的、論理的支援が可能となる。

2. 研究の内容

a. モデル生物のゲノム配列決定及び解析の支援システムの作成とゲノム配列を利用したチップ作成、発現プロファイルを中心としたモデル生物でのゲノム機能に関するデータ収集

多細胞モデル生物までを対象とするゲノム配列決定法の開発・改良と遺伝子を同定しその機能推定のための情報科学研究、および林プロジェクトで決定されたモデル生物のゲノム配列を利用したDNAチップ等を作成し、発現プロファイルの収集を行う。同時にモデル生物の表現型等の生物学的データも収集し、データ化を行う。

b. ゲノム機能解析のための新たな実験的・情報科学的技術の開発と適用

配列からの機能予測のためのDNAアレイ技術やプロテオーム解析技術を発展させ、変異体あるいは外的刺激に対する各生物の発現プロファイルの動態に関するデータを収集する。同時に各変異体の表現型の網羅的な収集を行う。配列からの機能予測に加え、こうして収集された実験的データ等を総合的に利用し、データマイニング等の発見科学的手法あるいはクラスタリング手法等を用い、複合データの中から遺伝子の機能や蛋白質間の相互作用に関するネットワーク情報を抽出する。さらに、この関係等を利用し各生物の遺伝子システムの構造と機能を再構築し、モデル生物の生命システムの解明を試みる。

3. 研究の体制

期 間：2000年4月～2005年3月

構 成：研究分担者3名が協力して研究を進めています。

実施場所：九州大学大学院農学研究院遺伝子資源工学部門遺伝子制御学講座

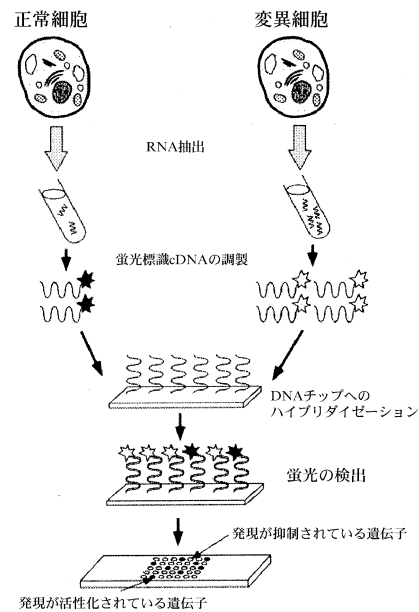


図2 発現解析の実験

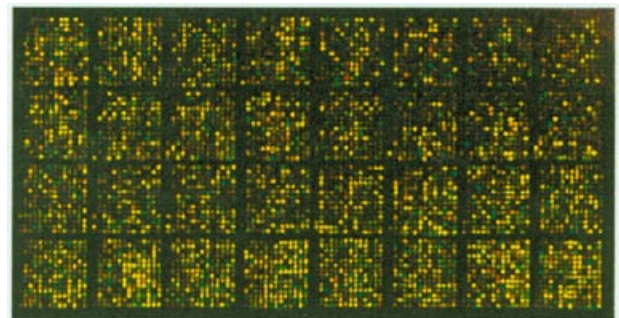


図3 発現解析実験の結果

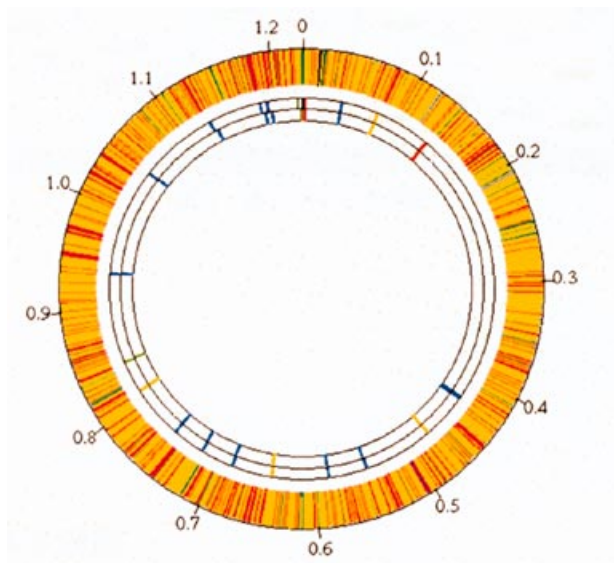


図1 決定されたクラミジアのゲノム構造とスタンフォード大学で決定されたゲノム構造との比較



図4 ネットワークの図