

研究スタッフ

教授： 木下 賢吾

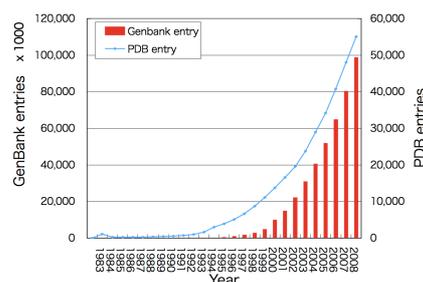
研究員： 大林 武、 研究員： 城田 松之

研究目的

現在の生物学は、各種測定技術の進歩により大量データが急速に蓄積している時代を迎えています。この「生命情報ビッグバン」により蓄積したデータを一つ一つ見ていくのは困難であるため、私たちの研究室では、これらの膨大な生命情報を情報科学的に取り扱うことで、生命現象の理解を目指します。

そのためのアプローチとして「分子実体を伴った遺伝子ネットワーク」の構築と解析に取り組んでおり、その成果を実験で検証するための公開データベースを数多く構築・運用しています。

生命情報ビッグバン



解析と再構築



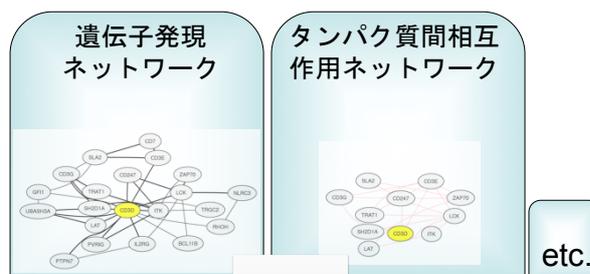
主な研究テーマ

統合解析

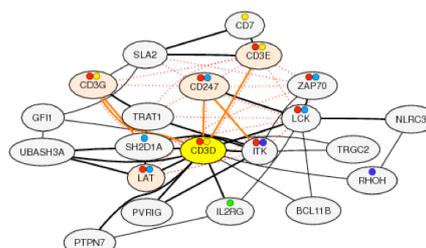
遺伝子の多階層ネットワーク解析

生命情報は様々な階層の情報を含みます。ゲノム、遺伝子発現情報、タンパク質相互作用情報、タンパク質立体構造情報、代謝パスウェイ、情報伝達パスウェイ情報などです。

これらの各々の情報で遺伝子ネットワークを描くことが可能ですが、私たちは実証可能な仮説の導出を行うためにこれらを統合し、生命システムの理解を目指しています。



統合ネットワーク

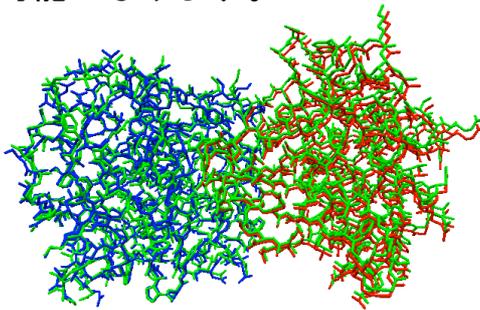


個別解析

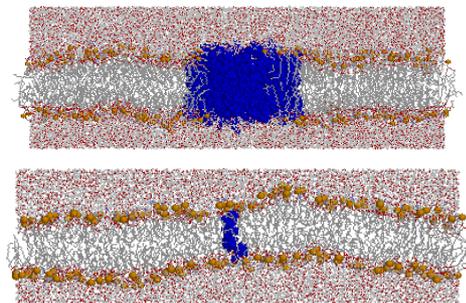
遺伝子の「分子」機能の解析

遺伝子の分子機能の解析として、タンパク質の立体構造情報の解析、および原子レベルのシミュレーションを行っています。

このような予測により、タンパク質の機能部位の同定、機能様式の推定が可能になります。



タンパク質A タンパク質B



複合体構造予測の国際コンテストCAPRI 2009において、私たちのチームは参加38チーム中、最高精度 (LRMSD 0.76 Å) の複合体構造予測に成功しました。

細胞膜内のタンパク質の大規模シミュレーションから、タンパク質の存在が膜の局所構造に与える影響を解析しています。

個別解析

遺伝子の「生物」機能の解析

細胞のある機能を成立させるためには、多岐にわたる分子機能を持つタンパク質が協調的に働く必要があります。世界中で日々蓄積されている遺伝子発現データの大規模解析により、遺伝子の機能ユニット予測ならびに機能推定を行っています。

