生命情報ビッグバン時代の情報解析技術

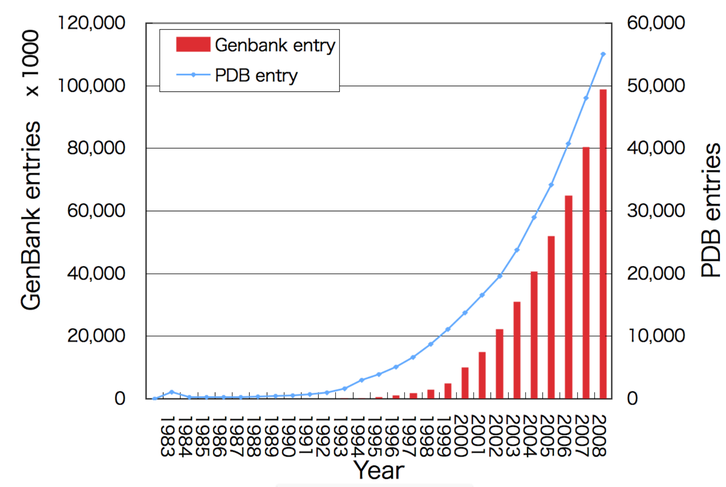
生命情報システム科学分野　木下・大林・西研究室

www.sb.ecei.tohoku.ac.jp

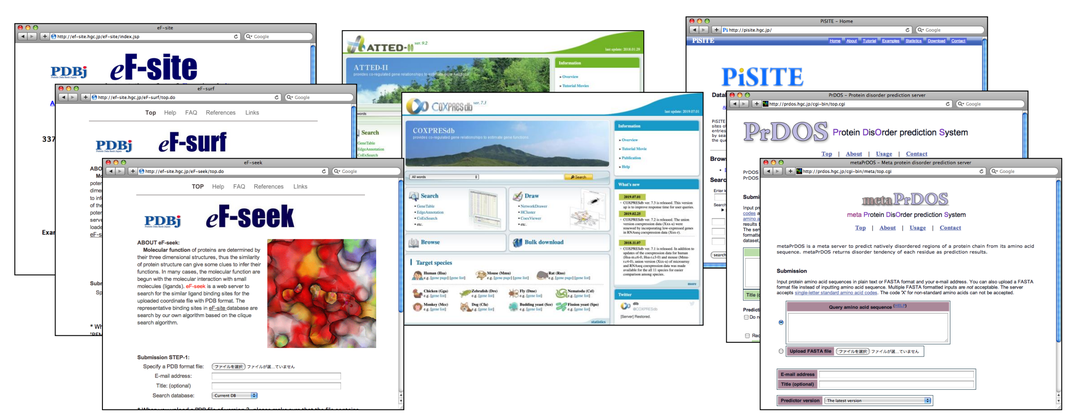
現在の生物学は、各種測定技術の進歩により大量データが急速に蓄積している時代を迎えています。この「生命情報ビッグバン」により蓄積したデータを1つ1つ見ていくのは困難であるため、私たちの研究室では、これらの膨大な生命情報を情報科学的に取り扱うことで、生命現象の理解を目指します。

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

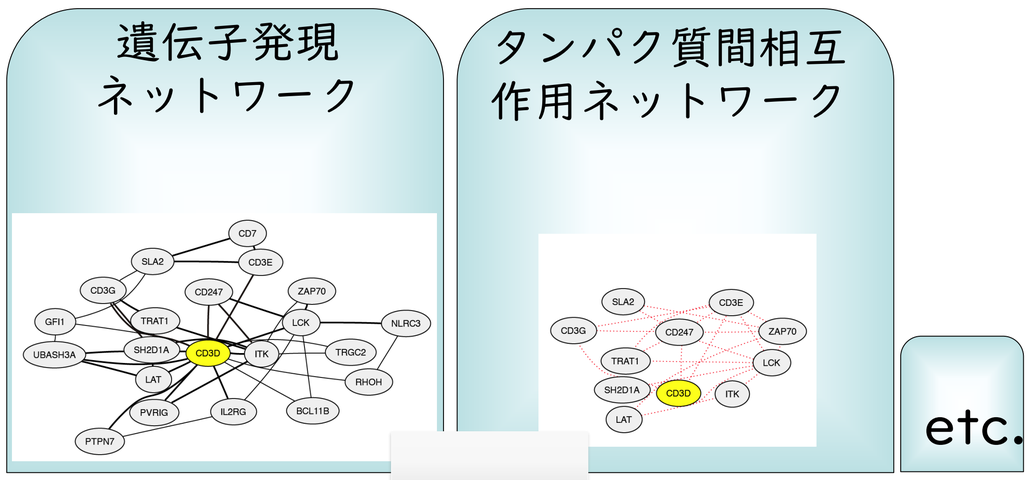


統合解析

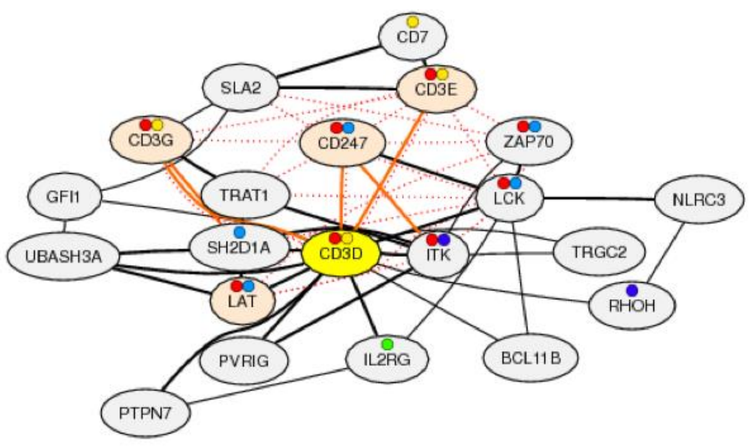
遺伝子の多階層ネットワーク解析

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

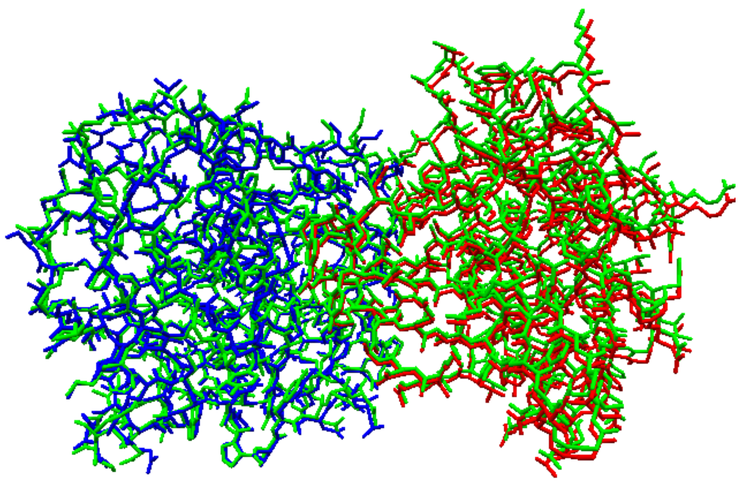


個別解析

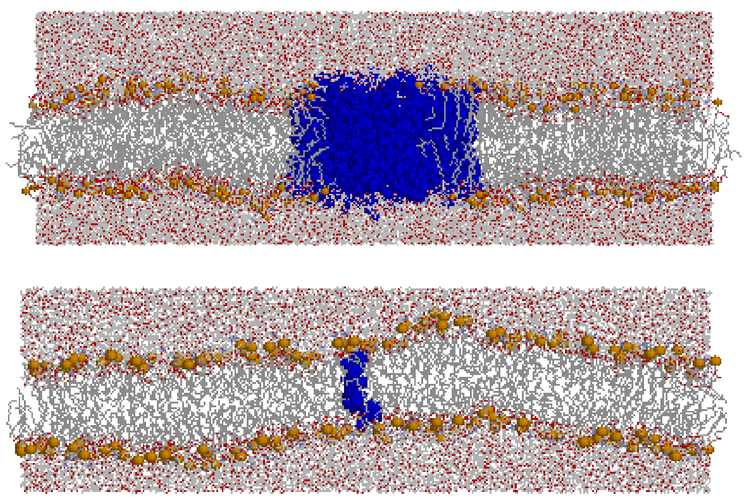
遺伝子の「分子」機能の解析

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。



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。