

# 類似性検索による遺伝子機能推定法の開発

木下賢吾

東京大学医科学研究所

1995年にインフルエンザゲノムが解析されて以来、数多くの生物種においてそのゲノム配列の解析が行われてきた。ゲノムは遺伝子と調整領域から構成されているが、遺伝子は転写・翻訳されて蛋白質となり生体中での実際の機能を発揮する。そのため、遺伝子あるいはその遺伝子産物である蛋白質の機能を知ることが、生物を分子レベルで理解する最初のステップとなる。しかし、ほとんどの生物種において全遺伝子の半数以上の機能が未だ明らかになっておらず、遺伝子の機能推定法の開発が重要な課題となっている。

遺伝子の機能推定は、ゲノムがすべての生物情報を担っていると考えると、原理的には単体のゲノム配列を見るだけで予測できるべきであるが、実際には我々のゲノムに対する理解が十分でないため出来ていない。そこで実用的には、機能既知の遺伝子に対する類似性検索による機能推定が行われる。類似性検索としては、配列での類似性検索が最もよく知られているが、立体構造や遺伝子の発現パターンなど様々な見方に対する方法が存在するし、立体構造ではどのような構造表現（原子の空間配置や分子表面や主鎖構造）を用いるかによって、似ている事の結果が意味する事が変わってくる。本講演では、我々が開発を行ってきた「確率的アライメントによる配列の比較法」、「様々な立体構造表現に対するグラフ理論を利用した立体構造の比較法」及び「主成分解析を利用した遺伝子発現パターンの類似性の多次元化手法」の開発を中心に、それぞれの類似性がどのような機能的な類似性を意味するのかを、生物学的機能の階層性に注目しながら議論したい。また、今後ますます増加する生物情報に対して、生物情報学という観点で何が出来るのか、あるいは何をすべきなのかについても議論したい。