

タイトル

バイオインフォマティクスによる合成致死遺伝子の予測

Predicting Synthetic Lethal Genes by Bioinformatics

概要

ある生物の遺伝子をひとつずつ網羅的にノックアウトして、その後の成長率を計測することにより必須遺伝子を特定する手法が存在する。この手法により、大腸菌では約4000遺伝子のうち約300個、酵母では約6000遺伝子のうち約1100個が生存するための必須遺伝子であることが知られている。また、2つの非必須遺伝子を同時にノックアウトすることで生存できなくなる時、これらの遺伝子ペアを合成致死遺伝子という。合成致死遺伝子を網羅的に特定することにより、遺伝子間の相互作用の全体像を明らかにすることができる。本発表では、代謝ネットワークなどのデータを用いて合成致死遺伝子を予測する手法について紹介する。

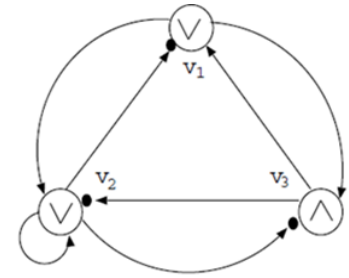


図:ブーリアンモデルによる
遺伝子制御ネットワークの例

URL

産業界への展開例・適用分野

遺伝子制御ネットワークが特定できれば、細胞の状態を制御する手法の開発につながり、新たな創薬標的の発見などが期待できる。

	氏名	専攻	研究室	役職(学年)
展示担当者	田村 武幸	知能情報学	阿久津研究室	助教