



東北大学グローバルCOE

第10回

Network Medicine特論

講義のお知らせ

大林 武 博士

(東北大学大学院 情報科学研究科・准教授)

ゲノム情報解析としての遺伝子共発現 ネットワーク

日時: 11月27日(火)17時30分
場所: 医学部5号館201号室

ゲノム配列の解読により個々の遺伝子の解析効率は大きく加速したが、システムとしての個体の理解には遺伝子間の関係性の網羅的推定が不可欠である。この遺伝子間の関係性も、個々の遺伝子情報と同様にゲノムに書かれており、タンパク質コード領域にはタンパク質間ならびにタンパク質化合物間の相互作用情報が、制御領域には mRNA 量の同調性の情報が埋め込まれている。

我々は公共のマイクロアレイデータに基づく遺伝子発現パターンの類似性(遺伝子共発現)を用いて、遺伝子回路そのものを可能な限り正確に導出することを試みている。その結果、複合体・代謝経路・シグナリング経路を強く反映した遺伝子共発現関係が得られており、タンパク質間相互作用データと合わせて、共発現データベース COXPRESdb(<http://coxpresdb.jp>)を開発、公開をしている。本講義では、遺伝子ネットワークがどのようにゲノム情報を表現するかについて議論する。

参考文献

1. Obayashi T, Kinoshita K COXPRESdb: a database to compare gene coexpression in seven model animals. *Nucleic Acids Res*, 39, D1016-22 (2011)
2. Obayashi T, Kinoshita K. Coexpression landscape in ATTED-II: usage of gene list and gene network for various types of pathways. *J. Plant Research*, 123, 311-9 (2010)

Network Medicine特論では、最新のNetwork Medicine研究を紹介しています。最新の医学研究を理解するために必要な知識を多くの学生・教員間で共有したいと思います。

Network Medicine特論は医学履修課程の大学院講義です。受講学生は履修簿を持参し、修了後にサインを受けること。聴講は自由大歓迎です。皆さん是非ご参加ください。

拠点リーダー 岡 芳知 / 担当 中山 啓子(内線8227)