



第25回NM-GCOEセミナー

木下 賢吾 先生

(東北大学大学院 情報科学研究科・教授)

2010.2.16

医学部5号館

201号室

～バイオインフォマティクスによる遺伝子の機能推定法入門(実用編)～

様々な研究により得られた情報から必要な情報を取捨選択し、より多くの情報を得るためにはデータベースの扱い方を知ることが大切です。今回は木下賢吾先生に、どのようにデータベースを有効活用するか、遺伝子機能の推定という実践を踏まえた御講演を頂きました。木下先生のセミナーは先生が開発されたツールの紹介を交え、データベースを活用した遺伝子機能の推定をどう行うかについて、分子レベルと細胞レベルの双方で解説して頂き、私のようにバイオインフォマティクスの分野に詳しくない人にもわかりやすいものでした。現在どのようなことが可能なのか、という活発な質疑からも、データベースを活用した「dry」な分野は成長盛んな分野であると感じられました。どのような情報がデータベースを活用することで得られるか、その応用を普段の「wet」な実験にどう融合させるかということに関して、大変勉強になるセミナーでした。

青山 慧 (発生分化解析分野・大学院生)

講義内容はWebでも見れますよ！



大学院生の感想

★ タンパク質の立体構造を知ることが多くの知見が得られることが非常によくわかった。また、今まで知らなかった多くの Bioinformatics ツールを教えていただき、今後の自分の研究に有意義に使えそうであり、大変有り難かった。

★ バイオインフォマティクスの話を初めて詳しく聞きました。三次元立体モデルについて最近の論文でよく見かけていたのですが、どのように調べられているのか、詳しい部分について理解が深まったのでとても楽しかったです。木下先生の講義内容も初心者に分かりやすく作って下さったのも良かったです。参考になる講義をありがとうございました。

★ 遺伝子の機能について研究したことがないが、出席したことで少しはわかった。自分の分野に生かすことができないか考えてみたい。

★ タンパク質の機能を、分子機能と細胞機能二つの面から調べ方を詳しく講義していただきました。タンパク質の機能解析といえば × 線結晶解析を想像しますが、複合体予測に関しては、いろいろなデータベースなどを利用して、結晶解析に近いものを予測できるようになったということでした。何もないところから、いろいろな情報の組み合わせで構造・機能が解明されていく研究はとても興味深く聴かせていただきました。最後の質問のところ、先生が「我々は縁の下の方持ち」とおっしゃっていたのが印象的でした。

