

# オミックス情報からの低コスト・迅速・ ハイスループットな遺伝子探索法の開発



**矢野 健太郎**  
Kentaro Yano

農学部 生命科学科 バイオインフォマティクス 研究室  
School of Agriculture, Department of Life Sciences  
<http://bioinf.mind.meiji.ac.jp/>

研究目的	近年、ゲノム配列や網羅的な遺伝子・化合物の発現情報の集積が著しい。これらのオミックス情報を活用することによって、新規遺伝子の探索が加速化することは明らかである。しかし、従来のバイオインフォマティクス手法では、大規模解析サーバーを用いても、非現実的な計算時間を要すること、また、メモリ不足によって計算が途中停止することが多いことから、大規模なオミックス情報を簡便に取り扱うことができない。そこで、本研究では、汎用的な計算機環境においても、大規模オミックス情報を迅速に処理し得る、遺伝子探索手法の開発を行う。また、WindowsやMacintosh、Linuxなどの汎用的なオペレーティング・システムでも実行できるGUI解析ソフトウェアを開発する。
研究内容	発現パターンが類似する遺伝子群を効率的に探索するために、アルゴリズムや解析ソフトウェアを開発している。現バージョンのソフトウェアでは、たとえば、エクセルなどで作成した行列データ（遺伝子発現情報など）をソフトウェアに取り込み、解析を実施することによって、類似の発現様式を示す遺伝子を簡便に分類できる。また、既知遺伝子と発現パターンが類似する遺伝子群、ある実験条件（生育条件、生育ステージなど）において特異的な発現を示す遺伝子群などを迅速に探索できる。さらに、ソフトウェア上では、遺伝子の生物学的機能アノテーション情報をインポートすることによって、発現様式情報と機能情報の両面から遺伝子を効率的に探索できる。
用途	医薬農工業などに有用な新規遺伝子・酵素などの探索等
関係論文	①Manickavelu, A. et al. (2012) DNA Res.,(in press). ②Hamada, K. et al. (2011) Plant Cell Physiol., 52: 220-229. ③Yano K. et al. (2006) Nucleic Acids Res., 34:1532-1539. ④The Tomato Genome Consortium (2012) The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution, Nature 485, 635-641.
関連特許	発現プロファイル解析システム及びそのプログラム [特許第5286594号]



●お問合せ先●

明治大学 研究推進部 生田研究知財事務室

TEL: 044-934-7639 E-mail: [tlo-ikuta@mics.meiji.ac.jp](mailto:tlo-ikuta@mics.meiji.ac.jp)

2014年6月改訂