

生命研究への応用と開発が進む

バイオデータベースとソフトウェア最前線

DNA解析からRNA・タンパク質の機能解明, エピジェネティクス研究, システム生物学と誰もが使う文献検索の新機能

序

森下真一

概論

観測技術の進歩からバイオインフォマティクスの潮流を読む

森下真一 20 (986)

1. データベース化の支援 2. 超並列計算の必要性 3. 超高速シーケンサーの今後 4. ヒトゲノム多様性の分析 5. 転写物発現量の網羅的定量化 6. 困難な観測を補う予測技術

第1章 DNA

データベース

1. **ゲノムブラウザー** バドルル アーサン, 山田智之, 森下真一 24 (990)
1. 活用されるさまざまなブラウザー
2. **国際 HapMap プロジェクト** 角田達彦, 田中敏博, 中村祐輔 32 (998)
1. HapMap データ 2. 関連解析のためのタグ SNP 同定 3. 組換え率の推定と遺伝子機能
4. 自然選択 5. 近年の共通祖先由来の共有セグメント
3. **メタゲノムデータベース** 黒川 顕, 服部正平 37 (1003)
1. メタゲノムプロジェクトの世界動向 2. メタゲノムデータベース
4. **ゲノム進化のデータベース** 中谷 洋一郎 43 (1009)
1. 進化的に保存されたゲノム配列からの機能因子の発見 2. 進化的に保存されていない機能因子の発見 3. 全ゲノム重複による新機能の獲得
5. **QTL 解析とデータベース** 中谷明弘 49 (1015)
1. QTL 解析—量的形質と質的形質 2. 区間マッピング 3. 複数の遺伝子座間の関係

ソフトウェア

6. **ゲノムアセンブラと新型シーケンサーを使用したゲノムシーケンシングの未来** 笠原雅弘 55 (1021)
1. 全ゲノムショットガン法の概要とその歴史 2. ゲノムアセンブラの原理 3. 新型シーケンサーの登場と全ゲノムショットガンアセンブリ

- 7. 超高速シーケンサーの原理と情報処理** 曲 薇, バドルル アーサン, 森下真一 67 (1033)
 1.ひろがる超高速シーケンサーの応用 2.SOLiDの原理 3.Solexaの原理 4.短いリードのゲノムへのアラインメント問題
- 8. ゲノム配列のマルチプルアラインメント** 後藤 修, 市瀬夏洋 77 (1043)
 1.局所大域的ゲノム配列アラインメント 2.局所マルチプルアラインメント
- 9. 遺伝子発見** 矢田哲士 84 (1050)
 1.遺伝子の発見法 2.遺伝子発見プログラム

第2章 RNA

データベース

- 1. 完全長 cDNA データベース** 武田淳一, 今西 規, 五條堀 孝, 鈴木 穰, 菅野純夫 90 (1056)
 1.NCBI 2.Ensembl 3.UCSC Genome Browser Database 4.H-Invitational Database
 5.FANTOM 6.その他の完全長 cDNA データベース
- 2. 革命的超高速シーケンサーによる SAGE 法の進展** 橋本真一, 松島綱治 96 (1062)
 1.SAGE法の概略 2.SAGE関連技術 3.次世代シーケンサーとSAGE法
- 3. RNA 干渉実験のためのウェブツール** 内藤雄樹, 程 久美子 104 (1070)
 1.siDirect : 哺乳類細胞で RNAi 活性が高く標的遺伝子に特異的な siRNA の設計ツール
 2.dsCheck : 長い 2 本鎖 RNA から生成される siRNA のオフターゲット評価ツール
 3.siVirus : ウイルスを標的とする siRNA の設計ツール
- 4. 機能性 RNA データベース** 金 大真, 浅井 潔 112 (1078)
 1.ncRNA 予測 2.機能性 RNA データベース

ソフトウェア

- 5. 二次構造に基づく機能性 RNA の配列解析** 佐藤健吾, 神原康文 121 (1087)
 1.機能性 RNA 配列のアラインメントと二次構造予測 2.RNA 遺伝子の探索

第3章 タンパク質

- 1. タンパク質の機能部位の予測** 木下賢吾 127 (1093)
 1.類似性検索を利用する方法 2.ポケット検出法 3.ドッキング法

- 2. タンパク質と DNA の結合予測** 皿井明倫, 河野秀俊 133 (1099)
1. DNA 結合タンパク質の予測 2. 塩基配列情報に基づく結合配列予測法 3. 相互作用情報を用いた予測法 4. 構造情報を用いた予測法
- 3. アミノ酸配列に基づくタンパク質の細胞内局在予測**
..... 中井謙太, ポール ホートン 140 (1106)
1. 予測法の原理と分類 2. 最近の動向 3. 最近のわれわれの研究 4. 今後の課題

第4章 エピジェネティクス

- 1. DNA メチル化の網羅的解析技術** 三浦史仁, 伊藤隆司 147 (1113)
1. メチル化シトシンの検出原理 2. メチル化依存的な切断活性を有する制限酵素を利用する方法 3. メチル化シトシンに対する親和性をもったタンパク質を利用する方法 4. バイサルファイト処理による検出
- 2. DNA メチル化を中心とした網羅的なエピゲノム解析**
..... 佐藤晋也, 八木 慎太郎, 塩田邦郎 155 (1121)
1. DNA メチル化プロフィールとエピゲノム 2. 網羅的なエピゲノム解析
- 3. クロマチン修飾の網羅的解析技術** 油谷浩幸 162 (1128)
1. タイリングアレイを用いた網羅的エピゲノム解析 2. 高速シーケンサーによるエピゲノム解析

第5章 システム生物学

- 1. パスウェイのモデル化とシミュレーションツール**
..... 長崎正朗, 斉藤あゆむ, 宮野 悟 169 (1135)
1. パスウェイのシミュレーションツールの表と裏 2. Cell Illustrator の開発 3. 生命システムの知識化とオントロジー
- 2. KEGG : 生命システム情報統合データベース**
..... 橋本浩介, 五斗 進, 金久 實 176 (1142)
1. 生命システムをいかに表現するか 2. ゲノム情報からシステム情報へ 3. ゲノム情報から生体分子化合物情報へ 4. ケミカル情報
- 3. Wiki によるフラボノイドのデータベース** 有田正規, 諏訪和大 182 (1148)
1. データベースの定義 2. MediaWiki の構造 3. MediaWiki を用いたデータベース 4. MediaWiki における関係演算の実現

4. **メタボローム解析のための質量分析スペクトル・データベース：MassBank** 蓬萊 尚幸, 西岡孝明 189 (1155)
 1. MassBank の特徴 2. MassBank のコンテンツ 3. MassBank のサービス

第6章 文献検索とゲノム言語

1. **医学生物学分野におけるシソーラスとテキストマイニング技術の開発** 小池麻子, 高木利久 195 (1161)
 1. シソーラス/辞書構築 2. 情報抽出開発 3. 潜在知識発見/仮説生成

2. **PURE：PubMed 文献検索支援システム** 馬見塚 拓, 米屋 隆 201 (1167)
 1. 確率モデルによるクラスタリング 2. レコメンデーション 3. PURE：PubMed 文献レコメンデーションシステム

3. **ゲノムと言語の学際的研究** **Short Articles**

- I 転移因子によるゲノム言語の構築と進化** 二橋 美瑞子, 藤原晴彦 207 (1173)
 1. カイコの転移因子の分類

- II 進化計算と遺伝子ネットワーク推定** 伊庭齊志 210 (1176)
 1. 遺伝子ネットワーク対話型推定システム 2. 新しい遺伝子ネットワーク表示システム

- III タンパク質糖鎖修飾の新たな意義**
—細胞内糖タンパク質品質管理機構 山本一夫 213 (1179)
 1. 異なる意義をもつ糖鎖修飾 2. 糖タンパク質品質管理機構

- IV 近縁複数全ゲノム配列比較によるゲノム進化ダイナミクスの解明** 小林一三 216 (1182)
 1. ゲノム・アイデンティティとパラログ・クラスターの進化 2. 複雑な大規模ゲノム多型の理解 3. ゲノム再編に関する新しいタンパク質

- V 下水処理プロセスの微生物群集**
—ゲノム解析で見えるもの見えないもの 佐藤弘泰, 味埜 俊 220 (1186)
 1. バイオインフォマティクスやゲノム解析のもたらす成果 2. ゲノム解析だけでは見えない部分

- **データベース・ソフトウェア INDEX** 222 (1188)

- **索引** 223 (1189)