

S21 **タンパク質局在化シグナルと転写制御シグナルに基づく
酵母遺伝子のコンピュータ機能解析**
(阪大・細生工セ) ○中井謙太

目的 ここ数年来の原核生物ゲノム配列決定ラッシュに続いて、真核生物ゲノムのシーケンシングも急ピッチで進展している。ゲノムの塩基配列が決定されれば、不可避免地に機能未知の ORF が多数生み出される。それらの機能は今後の機能解析プロジェクトによって決定されていくであろうが、コンピュータ解析によってある程度それらを予測できれば、機能プロジェクトを効率的に遂行するのに役立つであろう。また、既存の分子生物学的知見のゲノム配列全体に対する適用限界を探ることによって、我々の遺伝情報に対する包括的な理解度が確認できるという重要性も見逃せない。そこで、我々は遺伝情報が細胞内でその機能を発揮するまでに必要になるさまざまなシグナル情報をコンピュータで読み取ることで、遺伝子の機能を予測する試みを行っている。その中で本講演では、タンパク質の細胞内局在化シグナルを検出して、その局在部位を予測する仕事と、mRNA の発現パターンが似ている遺伝子上流配列を比べて、頻出するモチーフ (*cis* elements) を抽出する仕事を紹介する。

方法及び結果 タンパク質の細胞内局在部位の予測に関しては、以前から PSORT というプログラムをインターネット上で公開しており、多くの研究者に利用されている。最近、U.C. Berkeley の P. Horton 博士との共同研究により、推論部分に kNN 法を採用すると、比較的簡単に最新の知識が追加でき、1500 以上の酵母のデータについて、およそ 60% の正答率が得られることが示された。新バージョンは PSORT II という名で試験的に公開している。一方、遺伝子上流に頻出するシス配列の検出には、三菱総合研究所の矢田哲士博士らが開発した YEBIS というプログラムを用いている。現在、東大医科研の伊藤博士や Stanford U. の P. Brown らが組織的な遺伝子発現実験で得たデータをもとに、興味深いエレメントを探索している。将来は、解析を精密化して、ORF の発現条件の予測へと発展させていきたい。なお、これらのプログラムは誰でもインターネットを通して利用できる。ローカルにプログラムを使ってみたい方は、私に直接連絡していただきたい (nakai@lmcb.osaka-u.ac.jp)。

In silico Functional Analyses of Yeast Genes Based on The Interpretation of Protein Sorting Signals and Transcriptional Regulatory Signals.

○ Kenta Nakai (Inst. Mol. Cell. Biol., Osaka Univ.)

Key Words genome informatics, sorting signal, promoter analysis, expression profiling