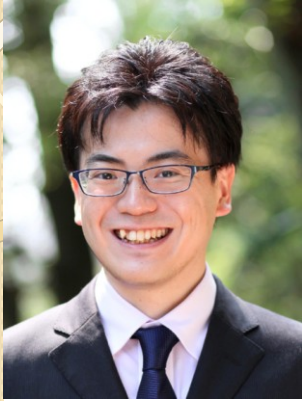


機能未知ゲノム領域／遺伝子の機能推定



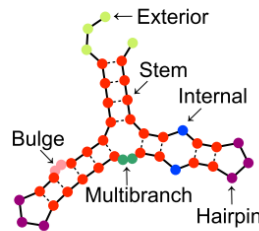
福永 津嵩 准教授 (早稲田大学 高等研究所)

2024年 8月30日(金) 16:00-17:30
理学部3号館 11番教室

*本セミナーは集中講義「分子生物学特論2・生命科学2」の一環です。受講生は必ず聴講してください。

ATGCTGTTTATCAAATT
CTCCATATGTTTCAGTAT
AGGGCTATTGCAAGACA
TGCATGACGTAGCTTAA
TGAATGTTTATCAAATT
GCCATAGCTAGTCGATC

遺伝子領域推定



機能性RNA解析

遺伝子種	1	2	3	4	5	6
A	○	○	○	○	×	×
B	○	×	○	×	×	×
C	○	○	×	○	○	○
D	○	×	×	×	×	○
E	○	○	○	○	×	×
F	○	×	○	×	×	×

比較ゲノム解析

ゲノム配列決定技術の進歩に伴い、膨大なゲノムデータが決定されている一方で、そのゲノム領域や遺伝子の大多数は機能未知のままである。これら機能未知領域の中には、重要な領域が多く残されていると考えられるため、その機能を推定・検証する研究は重要な課題である。発表者はこれまで、これら機能未知のゲノム領域／遺伝子の機能を推定するソフトウェアの開発及び実データ解析に取り組んできた。本セミナーでは、
(1)高感度リピート検出手法REPriseの開発
(2)超高速RNA-RNA相互作用予測ソフトウェアRIblastの開発とその応用
(3)シアノバクテリアにおけるフィコビリソームの比較ゲノム解析による新規ステート遷移制御遺伝子の発見、といったテーマについて紹介する。

参考文献

- 1) Takeda et al. REPrise: de novo interspersed repeat detection using inexact seeding. bioRxiv (2024)
- 2) Fukunaga and Hamada. RIblast: an ultrafast RNA-RNA interaction prediction system based on a seed-and-extension approach. 33:2666-2674 Bioinformatics (2017)
- 3) Fukunaga et al. Phylogenetic Profiling Analysis of the Phycobilisome Revealed a Novel State-Transition Regulator Gene in Synechocystis sp. PCC 6803. pcae083 Plant Cell Physiol. (2024)