

生物情報工学

授業HP

([http://www.agr.nagoya-u.ac.jp/
~bioinfo/](http://www.agr.nagoya-u.ac.jp/~bioinfo/))

ずっと使うのでBook Markに登録しておくとも便利

生物情報工学概論

- 本講義のねらい
- 生命工学一般への計算機科学の応用について、基礎となる概念・手法を理解する
- コンピュータの実習を通じて、講義内容の理解を深めるとともに各種手法に習熟する

参考書

- バイオデータベースとウェブツールの手取り足取り活用法
- 改訂 第2版 (洋土社)
- 編集 中村保一(やすかず)ら
- ￥4,200+税



講義の内容

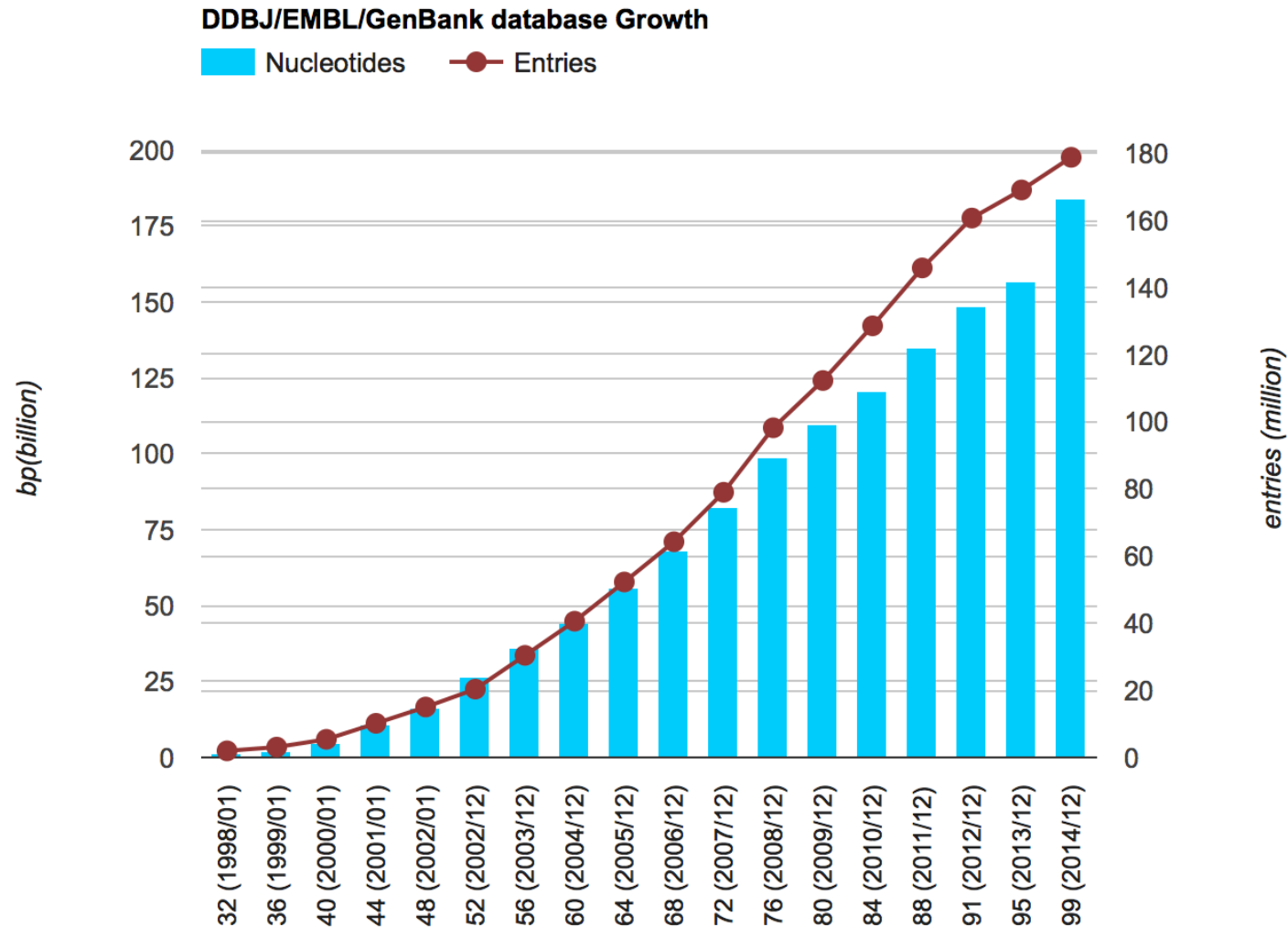
- 概説(伊藤) 第1回
- 各種データベースの活用 (伊藤)第2-5回
- 遺伝子配列解析 (芦刈)第6-10回
- タンパク質・核酸の高次構造解析 (中野)第11-14回

何故 Bioinformatics (生物情報学) が 必要か？

- ゲノム情報の量が加速度的に増大
- シーケンサー技術の進展により、次世代シーケンサーでは一回の解析で得られるデータ量が5Gb以上
- Omicsの発展により得られる情報量が膨大

塩基配列データベースのデータ量(塩基数)の推移

■ For a detailed information of DDBJ Release, please see [DDBJ Release Note](#).



全ゲノムが解読された生物種

原核生物	古細菌	メタン生産菌、好熱菌など	215
	真性細菌	大腸菌、乳酸菌など	3495
真核生物	動物	ヒト、マウス、ショウジョウバエなど	107
	植物	イネ、シロイヌナズナなど	51
	真菌	酵母、カビ類	109
	原生生物	ゾウリムシ、マラリア原虫	42
合計			4019

(2015年10月)

タンパク質(アミノ酸配列)データベース のデータ量(塩基数)の推移



English 日本語 简体中文 繁體中文 한국어

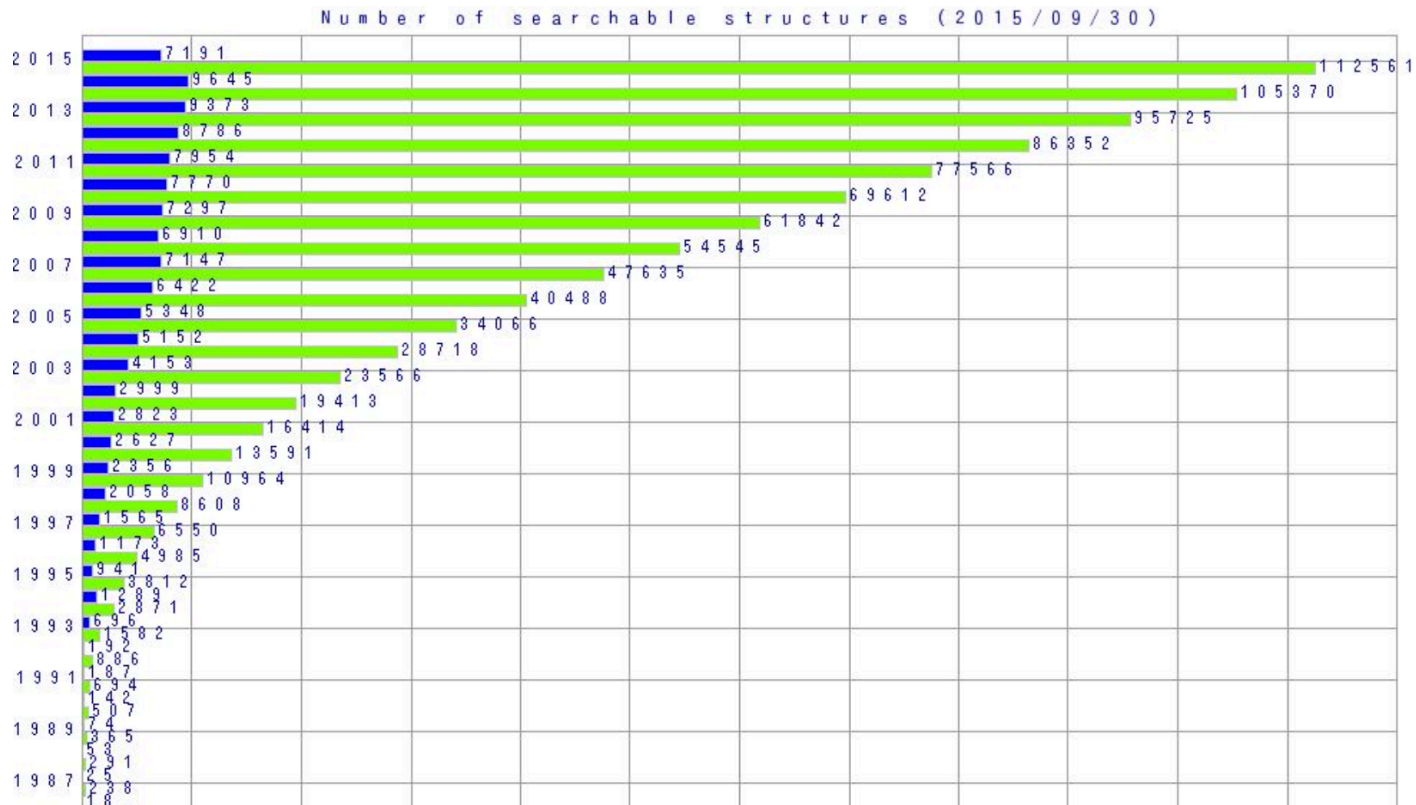
Search pdbj.org



wwPDB RCSB PDB PDBe BMRB Legacy Adv. Search Search help

Statistics

This page is also available in: [日本語](#)



各種データベースの活用

- 文献データベース
- 特許データベース
- 遺伝子データベース
- ゲノムデータベース
- 遺伝子解析のためのツール

遺伝子配列、アミノ酸配列解析

- 配列アライメント
- ホモロジー(相同性)検索
- モチーフ解析
- 細胞内局在性予測
- 進化系統樹解析
- 遺伝子発見
- 比較ゲノム

タンパク質の高次構造解析

- タンパク質立体構造のグラフィックス表示
- 立体構造データベース
- タンパク質の2次構造予測
- タンパク質の3次構造予測
- 各種データベースの紹介

成績評価

- 出席およびレポート
 - 各先生の指示に従う
- この日の授業の場合、レポートは bioinfo@molbiotech-nagoya.org に送付する。

先生によりメールアドレスが異なるので注意すること！！

バイオインフォマティクスとは？

- 生物学に必要な情報技術を研究する分野
 - ゲノム解析段階における遺伝子情報の解析や遺伝子データベースの利用など
 - ポストゲノム段階での遺伝子発現解析、分子間相互作用、多型解析、パスウェイ解析など

バイオインフォマティクスの歴史

- 約30年前
 - 相同性解析のアルゴリズム (NeedlemanとWunsch)
 - 生化学反応のシュミレーション (Hayashi)
- 約20年前
 - 塩基配列のデータベースの構築 (GoadとKanehisa)
 - タンパク質2次構造予測 (ChouとFasman)
 - 遺伝子構造の予測 (Fickett)
- 現在
 - 多型情報、mRNAや蛋白質のプロファイル情報、代謝ネットワークを始めとする遺伝子ネットワーク情報といった多様なデータが急速に整備

演習

- 問題1
- バイオインフォマティクスとは何か？簡単に説明せよ。

- 問題2
- 次の語句を簡単に説明せよ。ネットワーク検索を用いてもよいが、コピー&ペーストは認めない。自分の言葉で説明すること。
- (1)ゲノム
- (2)アライメント
- (3)ホモロジー
- (4)モチーフ
- (5)進化系統樹
- (6)たんぱく質の2次構造と3次構造