

ゲノムの類似性や特徴を調べる 使いやすいパソコン用ソフトウェア

User-friendly software for PC and/or Mac to explore similarities and other features of genomes.

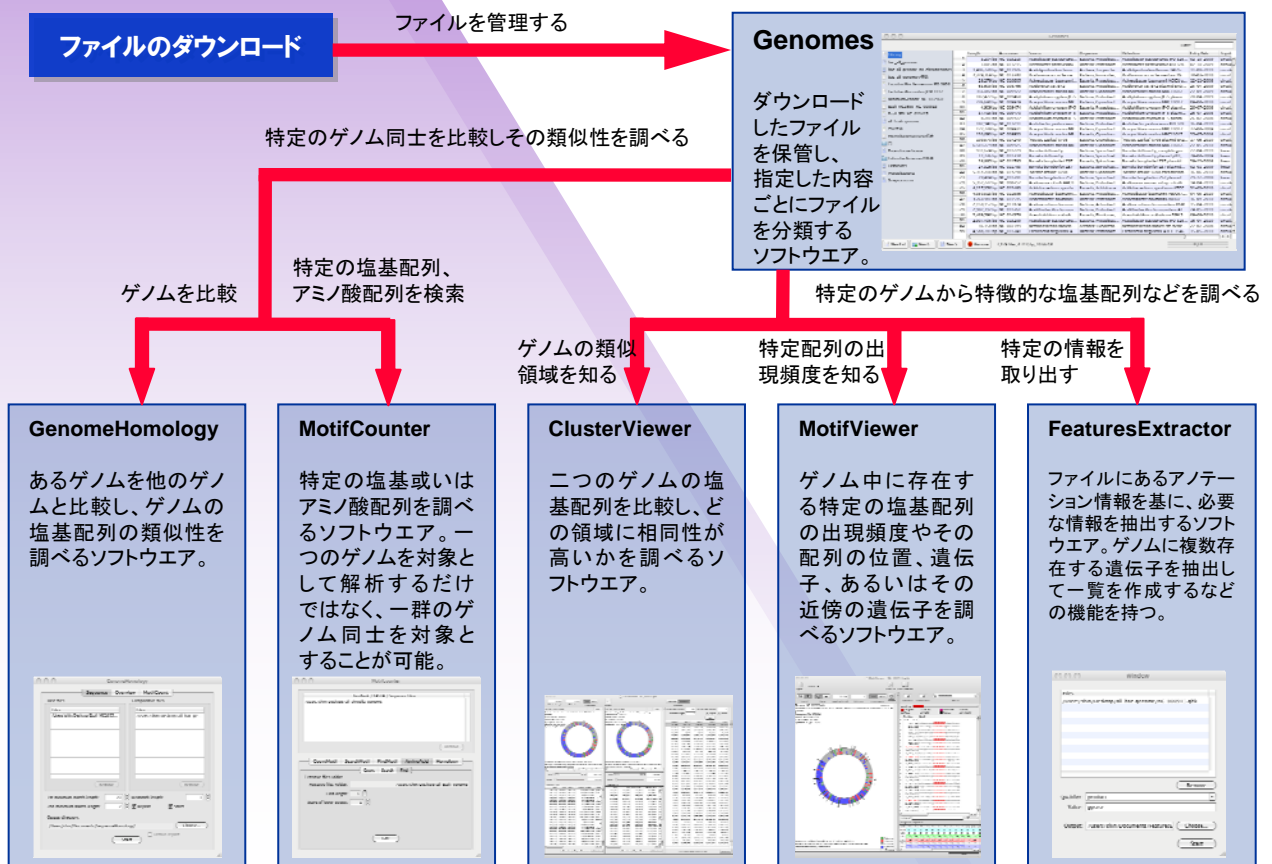
久松 伸 講師

麻布大学 生命・環境科学部 環境科学科 環境分析学研究室

Shin Hisamatsu / Lecturer

School of Life and Environmental Science, Department of Environmental Science

現在、様々な生物のゲノム解析が行われるようになってきており、細菌においては1,000株を超えるゲノム情報が公開されている。近年、高速なゲノム解析技術も進んできていることから、今後解読の行われるゲノムは更に増え続けるものと考えられる。ところで、これらのゲノム情報はインターネットを介しダウンロード可能なファイルとして利用可能である。ファイルの内容には、ゲノムの塩基配列だけでなく、生物種の分類、遺伝子名、翻訳産物のアミノ酸配列など様々な情報も含んでいるため、これらのファイルは様々な側面から研究に利用できる。しかしながら、膨大な情報量を持つファイルの取扱は容易ではないため、特別なコンピュータの知識を必要としない使いやすいパソコン用のソフトウェアは重要である。



今回開発した一連のソフトは、JavaやPerlを利用しているため、情報量の多いゲノムの解析をMacなどのパーソナルコンピュータを使用して高速に解析できる。また、使用しやすいよう視覚的に操作しやすいインターフェイスとしているため、特別なスキルなしに使用することができる。また、それぞれのソフトウェアはいくつかのユニークな機能を持っており、単一の遺伝子にとらわれず、ゲノム情報を利用した新たな研究の展開が期待できる。詳細については、ブースに用意しているコンピュータのデモで体験して下さい。