

好熱菌のシステムの理解に向けたたたき台

Discussion. Toward Systems Biology of *Thermus thermophilus*

藤本仰一¹

Koichi Fujimoto¹

(¹大阪大学理学研究科)

(¹Osaka Univ.)

e-mail: fujimoto@bio.sci.osaka-u.ac.jp

数理モデルの構築を通じて生命システムの理解を目指す研究者から、研究会1-2日目の発表を受けて好熱菌の特徴を抜き出さる手法を紹介したい。紹介した手法や考え方が好熱菌研究にとって本当に有望であるかどうかを参加者とともに議論できれば幸いです。

トランスクリプトームなどオミクス的な手法は非常に多種の分子の発現量等を提供してくれる。これらの解析で得られた分子の社会の特性を一枚のグラフで特徴づける方法をまず紹介したい。例えば、各分子の発現量を多い順に並べた Rank-Abundance Distribution は生態学や社会学で種ごと或は都市ごとの人口分布を解析するために元々導入された。この手法を細胞内の分子種ごとの人口に適用すると、Zipf の法則と呼ばれるべき分布則が各分子の詳細によらず様々な生物種わたって広く成立している。環境変化等に応じてこの法則がどのように変遷するかもあわせて紹介したい。

この研究会でサブシステムと呼ぶ細胞全体の中の一部の特性を捉えようとすると、各分子の特性が反映されて興味深い一方で、一般的な特性を数理の視点で抽出しにくく感じる。サブシステムの特性を数理モデルを導入することによりさらに理解を進めるためには定量的な研究が鍵になると考える。現段階で好熱菌研究に効果的になりうると発表者が予想する話題として以下に挙げるバクテリアを用いて行われた研究やアイデアがある。多数の遺伝子発現の時系列から遺伝子ネットワークの“定量的な制御関係”を推定する方法、レセプターの活性化エネルギーを推定する方法、複数のシグナルの“クロストーク特性”の推定手法をタンパク質の構造レベルまで演繹できるか、多種の遺伝子変異株や多種のストレスに応じた細胞数の増殖率変化の解析とそこからわかること。このうちのどれかについて紹介する予定である。