

講義日:10月25日(火) ゲノム・タンパク質のバイオインフォマティクス入門

講師:東北大学大学院 情報科学研究科 生命システム情報科学 教授 木下 賢吾

質問事項	回答
<p>質問者:大学院生 タンパク質の生体内での役割は、現在の情報技術をもってすると、どのくらいの精度で再現できているものなのでしょうか。(もちろんターゲットとするタンパクによって差異はあるとは存じますが、生体内での状態を100とした時のおおよその相対値等でもお教えいただければありがたく思います)</p>	<p>配列が似ていれば機能が似ていることが多く機能を推定する目安となりますので、約半分の遺伝子が何らかの配列類似している遺伝子が存在することを踏まえると、約半分の遺伝子は、配列の類似性から機能を推定することができるという言い方ができるかと思えます。精度と言うと難しいですが、配列が似ていても機能が似てないことや、配列が似ていると言っても程度の差があるので、一概には言えませんが、完全な主観で「どの程度の精度で再現できるか」と言えば、半分ちよいぐらいのイメージです。</p>