

ビジュアルな遺伝子データの編集が可能に

我々が新しく開発した GUPPY (Genetic Understanding Perspective Preview sYstem) は、遺伝子を構成している DNA 配列の注釈情報 (アノテーション) を、分かりやすいグラフィカルなレイアウトに表示するプログラムである¹⁾。これまでにない高速でインタラクティブな操作環境を実現し、ゲノムデータの全体から注目する領域を選択し、個々の塩基配列までスムーズにズームアップしていくことができる。ネットワークは必ずしも必要ではなく、GUPPY は公開されたゲノム情報に個人の持っているデータを重ねて表示することもできる。さらに、Web ページへのハイパーリンクや、作成したレイアウトの印刷等、生物学者のための多様なメディアの活用を支援することもできる。

大規模なゲノムデータベースでは、遺伝子情報を効率的に検索できるが、異種データや実験データを比較するために、研究者は常に注目するデータのファイル変換をしなければならない。GUPPY では、そういった様々な処

理に柔軟に対応できるようなデータ処理言語である Lua 言語を導入している²⁾。これは、必要とされる言語の機能を分析し、既存の安定した言語処理系を吟味した結果からである。階層構造を持つデータは Lua 言語処理系で管理され、それらを再編する手続きと表示レイアウトをスクリプトとして記述する。また、高速なグラフィックス処理部分は C 言語によって書かれている。

GUPPY の開発の目的は、バイオインフォマティクス (生命情報科学) における様々なデータ解析の結果表示の道具を提供することである。様々な数理モデルを応用した研究成果を分子生物学に適用させる仲介役となるために、新しいソフトウェア技術を実装している。ヒトゲノムを解読した研究成果は、今後の科学の発展のために公共データベースとして公開されている。その公共財としての意味を重く受けとめ、このプログラムは、科学を広く支援するため非営利目的の利用に公開している。

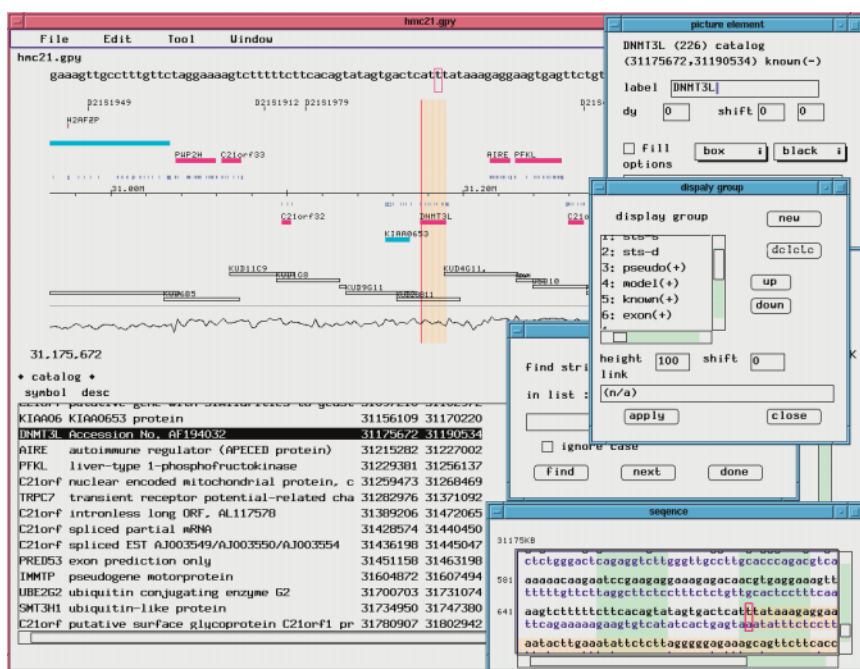


図 ヒト 21 番染色体の遺伝子地図を表示した例³⁾。

関連情報

- 1) GUPPY ホームページ: <http://staff.aist.go.jp/yutaka.ueno/guppy/>
- 2) Lua 言語ホームページ: <http://www.lua.org>
- 3) DDBJ/CIB ヒトゲノム情報工房: Imanishi T, Okayama T, Kawanishi Y, Fumoto M, Iizuka T, Nishinomiya N, Shigemoto Y, Mashima J, Okido T, Habara T, Oota S, Sugawara H, Saitou N, Gojobori T. Human Genomics Studio. <http://studio.nig.ac.jp/>



うえの ゆたか
上野 豊
uenoyt@ni.aist.go.jp
生命情報科学研究センター