

## ○課題名：ヒト胚の形態発生に関する三次元データベース

代表研究者：塩田浩平（京都大学大学院医学研究科）

### S-7

#### ヒト胎児発生の画像データベースと3次元CGコンテンツ

山田重人<sup>1</sup>、巨瀬勝美<sup>2</sup>、松田善正<sup>2</sup>、美濃導彦<sup>3</sup>、角所考<sup>3</sup>、元木環<sup>3</sup>、嶺倉豊<sup>3</sup>、水田忍<sup>4</sup>、松田哲也<sup>4</sup>、上部千賀子<sup>1</sup>、塩田浩平<sup>1</sup>

(1 京都大学大学院医学研究科、2 筑波大学物理学系、3 京都大学学術情報メディアセンター、4 京都大学大学院情報学研究科)

京都大学大学院医学研究科附属先天異常標本解析センターは、4万例を超える世界最大のヒト胚子・胎児標本のコレクションを所蔵している。これは、子宮内の人口集団を代表するもので、学術的にも評価が高い。現在、この貴重なコレクションの標本資料のデータベース化・デジタル化を進めている。これまでに、正常ヒト胚子1,260例について微細標本用のMR顕微鏡を用いた撮像を完了した。さらに、より高解像度の画像を得るために、新しい三次元イメージング法であるEFIC (episcopic fluorescence image capture) 法を日本で初めて導入し、各発生段階の標本の撮像を行った。現在、これらの画像データと臨床情報などの書誌データを合わせたデータベースを作成中である。データベース完成後はWebアトラスとして公開し、関連研究者の研究目的の利用に対応する予定である。

また、データベース構築と平行して、胚子画像からコンテンツの作成も行っている。MR、EFIC画像をもとに3次元CG画像を作成し、発生段階ごとの標準ヒト胚子モデルを作成した。さらに、これらを素材として発生学教育教材や動画を作り、それらは医学教育や科学番組放送用などにも利用されている。

## ○課題名：実践による超分子ネットワークモデリングシステムの開発

代表研究者：白井剛（長浜バイオ大学 バイオサイエンス学部）

### S-8

#### 超分子ネットワークモデリングシステムによる積み木生物学の実践

白井剛<sup>1</sup>、斉藤美保子<sup>1</sup>、吉永淳<sup>1</sup>、大山拓次<sup>2</sup>、真柳浩太<sup>3</sup>、石野良純<sup>4</sup>

(1 長浜バイオ大学バイオサイエンス学部、2 大阪大学蛋白質研究所、3 九州大学生体防御医学研究所、4 九州大学大学院農学研究院)

この研究開発では、ゲノムの複製や維持に必須の3R (DNA複製・修復・組み換えの頭文字) 超分子複合体の立体構造をX線結晶解析と電子顕微鏡解析で決定しながら、その構造解析の過程で必要である超分子複合体モデリングツールを整備してきた。例えば、既知構造を全自動分類し、参考になる複合体があれば、それを利用して分子模型を作るためのプログラムや、複合体の構成要素がどの場所で相互作用して超分子を形成するかを予測する計算機ツールを開発した。本研究開発により、PCNA-リガーゼ-DNA、PCNA-ポリメラーゼ-DNA、PCNA-ヘリカーゼ-DNAなどの新規の3R複合体の構造解析に成功し、それらの複合体構造が、開発したツール群によりデータベース (PDB) 情報からモデリングされたものに非常に近いことを示すことができた。すなわち、拡大の一端を辿る生物学の1次データベースから2次データベースを作成し有効活用すれば、未知の超分子構造の予測が可能である。これらのツール群は基礎生物学のみならず、構造創薬などの応用分野に利用されることが期待される。