

# Pathway/Networkの解説

～代謝経路の古典から現代まで: バイオ(インフォ)における代謝経路を含むネットワークの重要性

理研・GSC・ゲノム情報グループ・ゲノム知識ベースチーム

長谷川義和

- I. 古典的な代謝経路
- II. 代謝経路を含む生体内ネットワーク研究の重要性
- III. 代謝経路以外の生体内ネットワーク
- IV. 代謝経路・ネットワークのデータベース
- V. 代謝経路・ネットワークを扱うコンピュータソフト

## パスウェイ/ネットワークの定義

1. パスウェイ: 生物学的にパスウェイと付く用語は  
Metabolic pathway(代謝経路)

Biochemical Pathway(生化学経路)

Regulatory pathway(制御経路)

「パスウェイ」とは物(物質)の繋がりの流れ。

上記をpathwayと考えることにする。

2. ネットワーク: 生物学的にネットワークと付く用語は

Neural network(神経ネットワーク): 情報系から出た用語?

食物網(food web): 食物連鎖(food chain)が絡み合ったもの。

「ネットワーク」という語は幅広い物と物との繋がり絡み合ったもの。

**生体内ネットワーク: 生体内でのあらゆる物質、構成要素**

**(組織・器官・細胞・オルガネラ・物質)の繋がり。**

**パスウェイ: 生体内ネットワーク中、「生化学経路」、「制御経路」、**

**特に「代謝経路」を指す。**

# 古典的な代謝経路に関して

## 1. 代謝経路の定義

### 生物学辞典

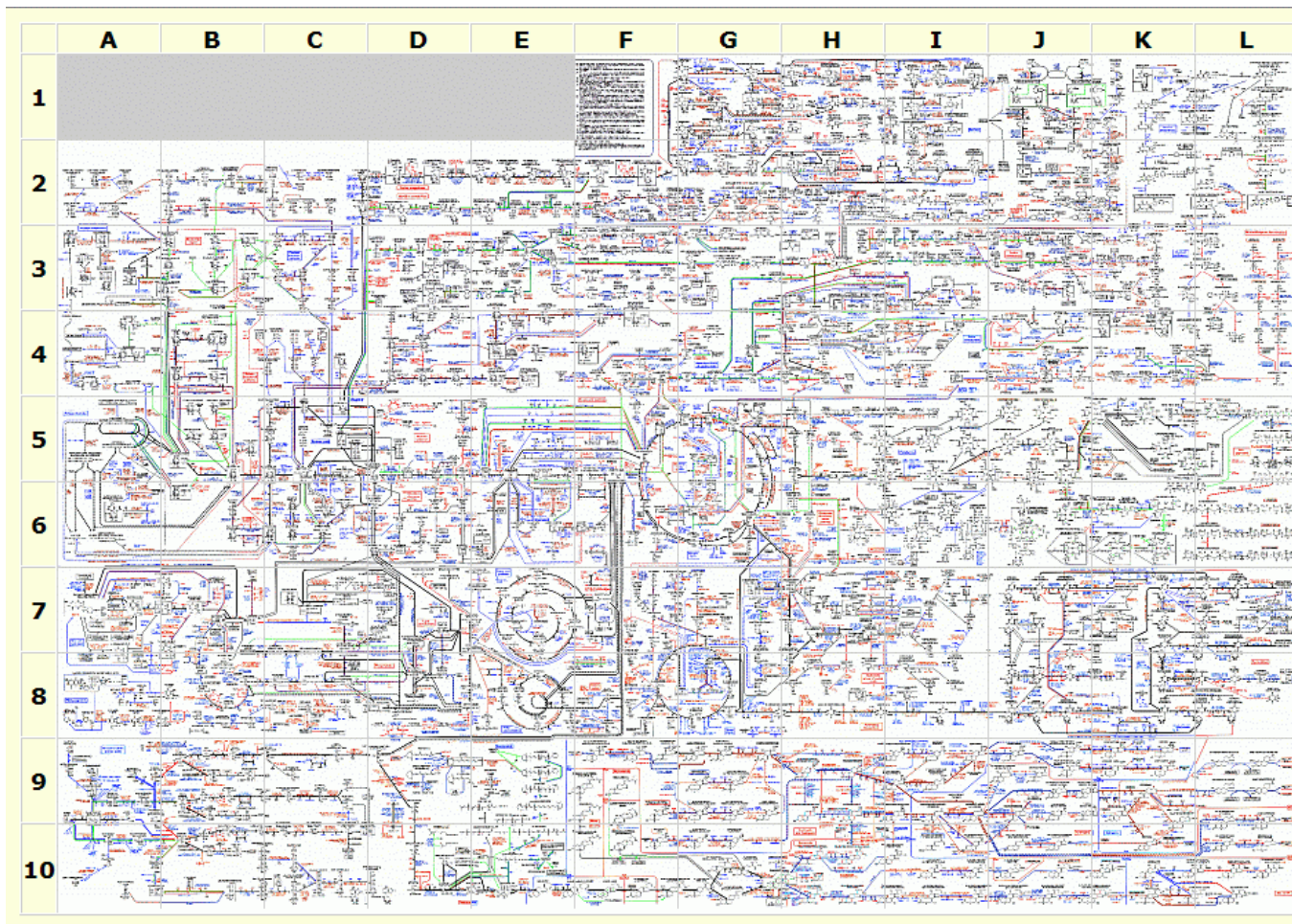
生体内でAからXに至る酵素反応の順路。

### 生化学辞典

一つあるいは多くの単純な物質から一つのもより複雑な化合物を合成する、あるいはある化合物をその最終産物まで分解する一連の連続した酵素反応から成る。

# 古典的な代謝経路に関して

## 2. 代謝経路の成り立ち



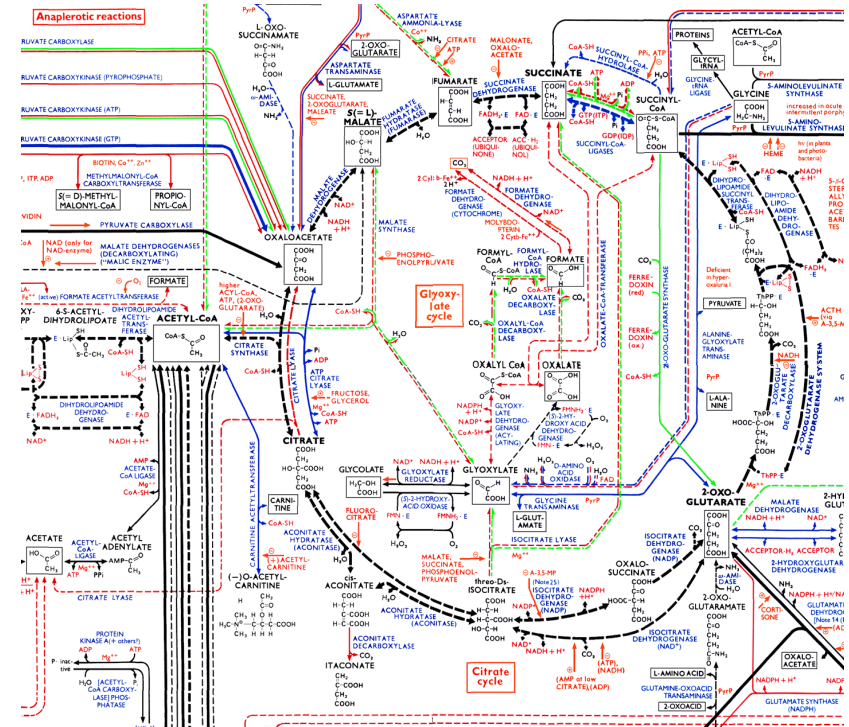
ベーリンガーマンハイムの代謝マップ全体像  
[http://www.expasy.org/cgi-bin/show\\_thumbnails.pl](http://www.expasy.org/cgi-bin/show_thumbnails.pl)

始めに、生体内で起こる物質の変換プロセスが、断片的に調べられ、その後、それらの情報が組み合わされていき、巨大な代謝マップの完成となった。

## 2. 代謝経路の成り立ち

### Krebs回路 (TCAサイクル) の発見

ジカルボン酸酸化経路  
+  
トリカルボン酸酸化経路  
= Krebs回路  
1937 H. A. Krebs



ベーリンガーマンハイムの代謝マップ: Krebs回路  
[http://www.expasy.org/cgi-bin/show\\_thumbnails.pl](http://www.expasy.org/cgi-bin/show_thumbnails.pl)

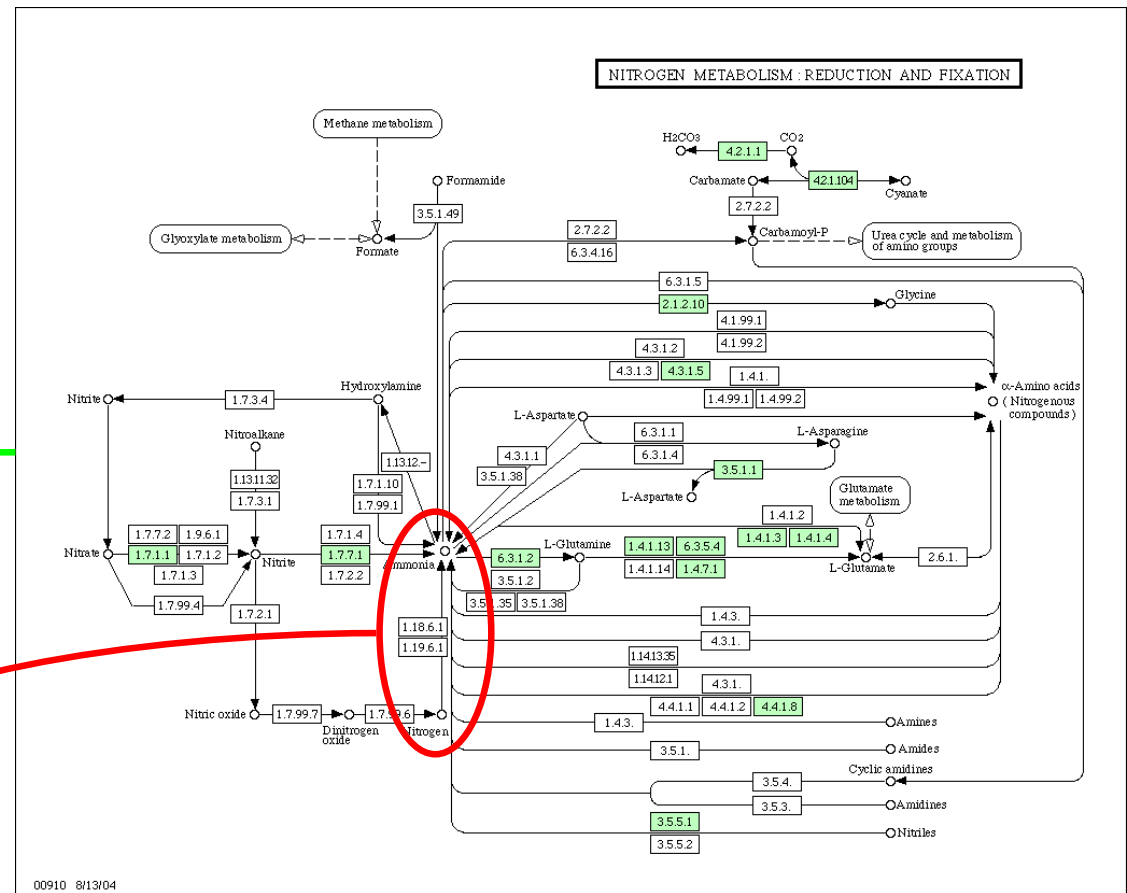
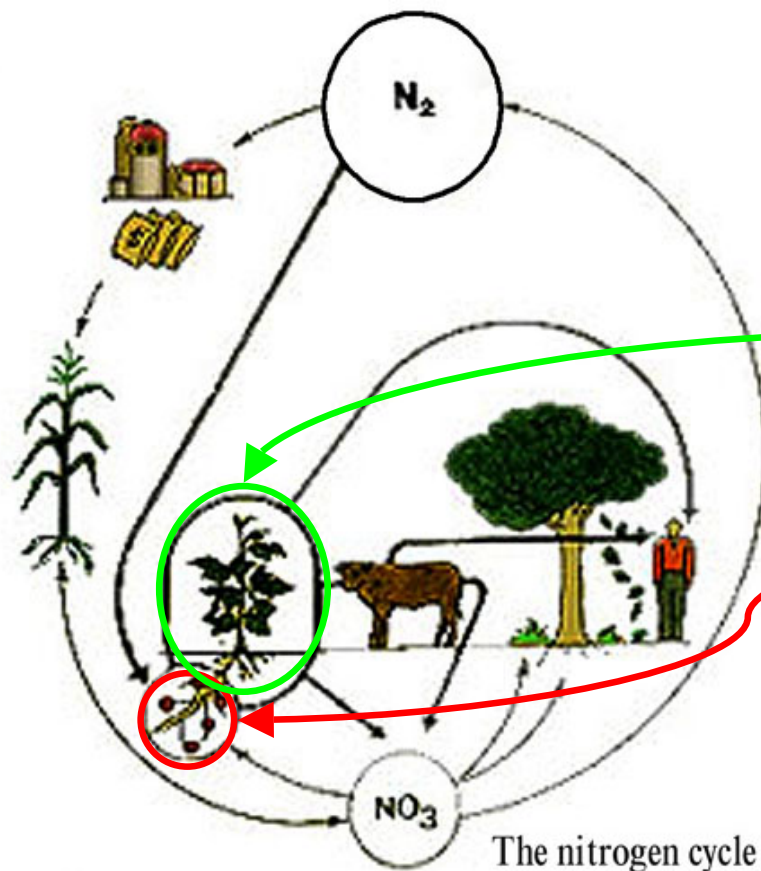
始めに、生体内で起こる物質の変換プロセスが、断片的に調べられ、その後、それらの情報が組み合わされていき、巨大な代謝マップの完成となった。



# 古典的な代謝経路に関して

## 3.生物間にまたがる代謝経路

### 窒素固定



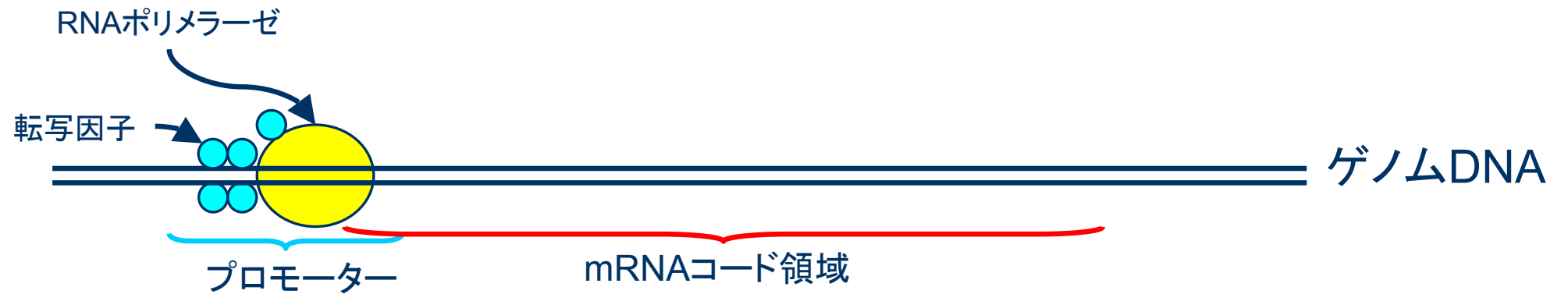
KEGGより引用  
[http://www.genome.ad.jp/dbget-bin/get\\_pathway?org\\_name=ath&mapno=00910](http://www.genome.ad.jp/dbget-bin/get_pathway?org_name=ath&mapno=00910)

## Ⅱ. 種々の生体内ネットワーク

1. 転写制御
  2. Cellular and Molecular Processes  
(シグナル伝達、物質輸送が含まれる)
  3. 代謝経路
  4. ホルモンによるホメオスタシス
  5. 神経ネットワーク
- etc.

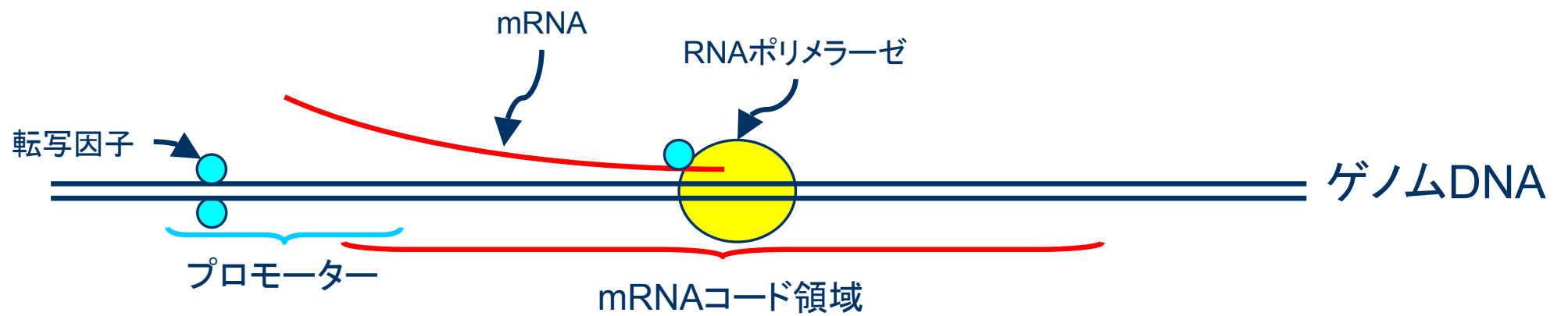
上記2,3を合わせてベーリンガーマンハイムによって  
Biochemical pathwayとされ、まとめられている。

# 1. 転写制御

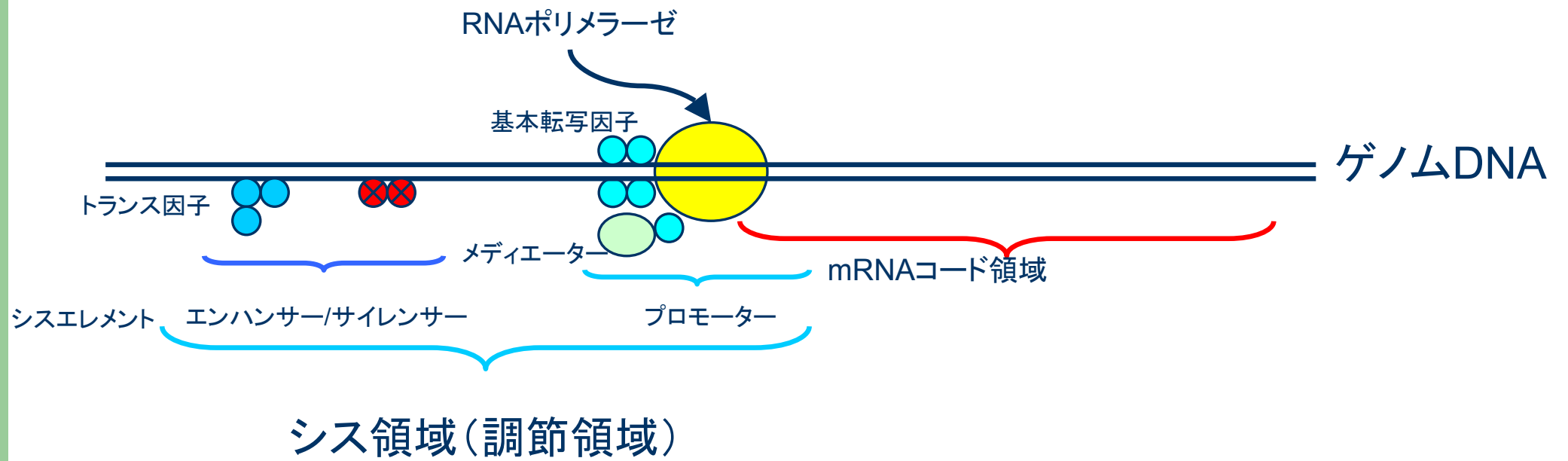




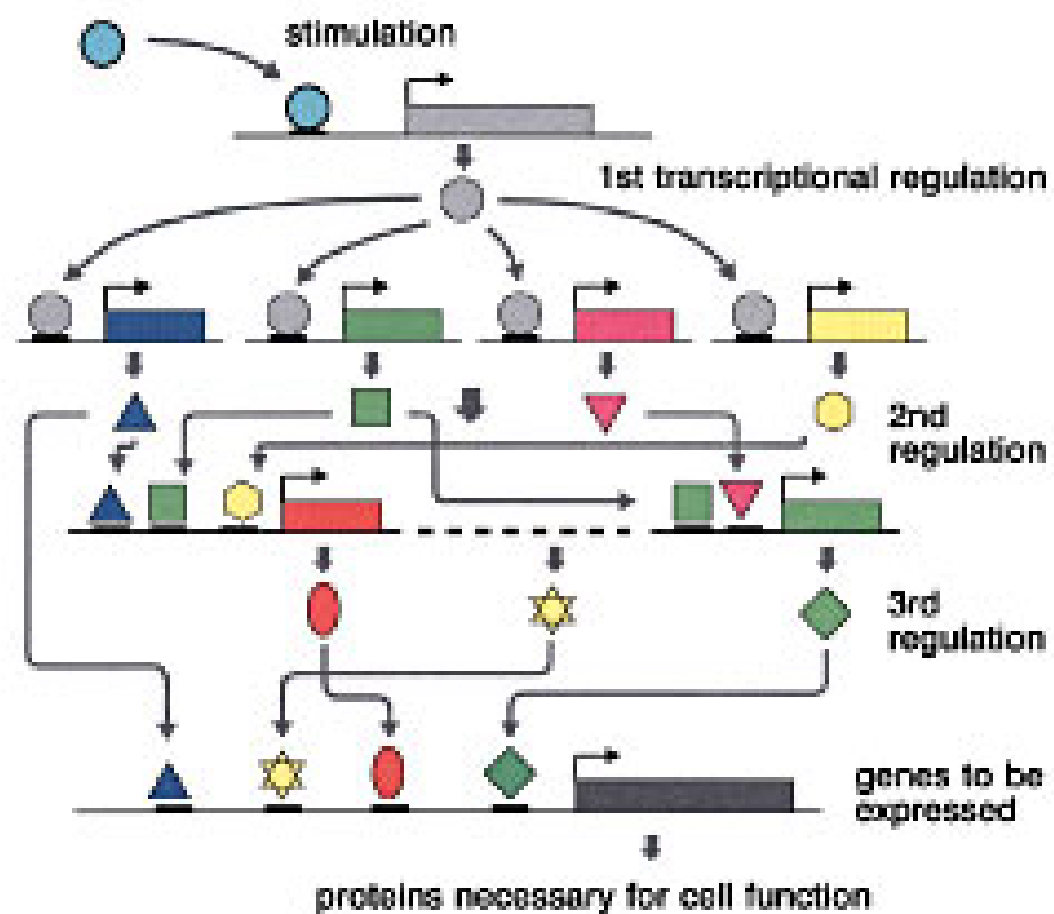
# 1. 転写制御



# 1. 転写制御



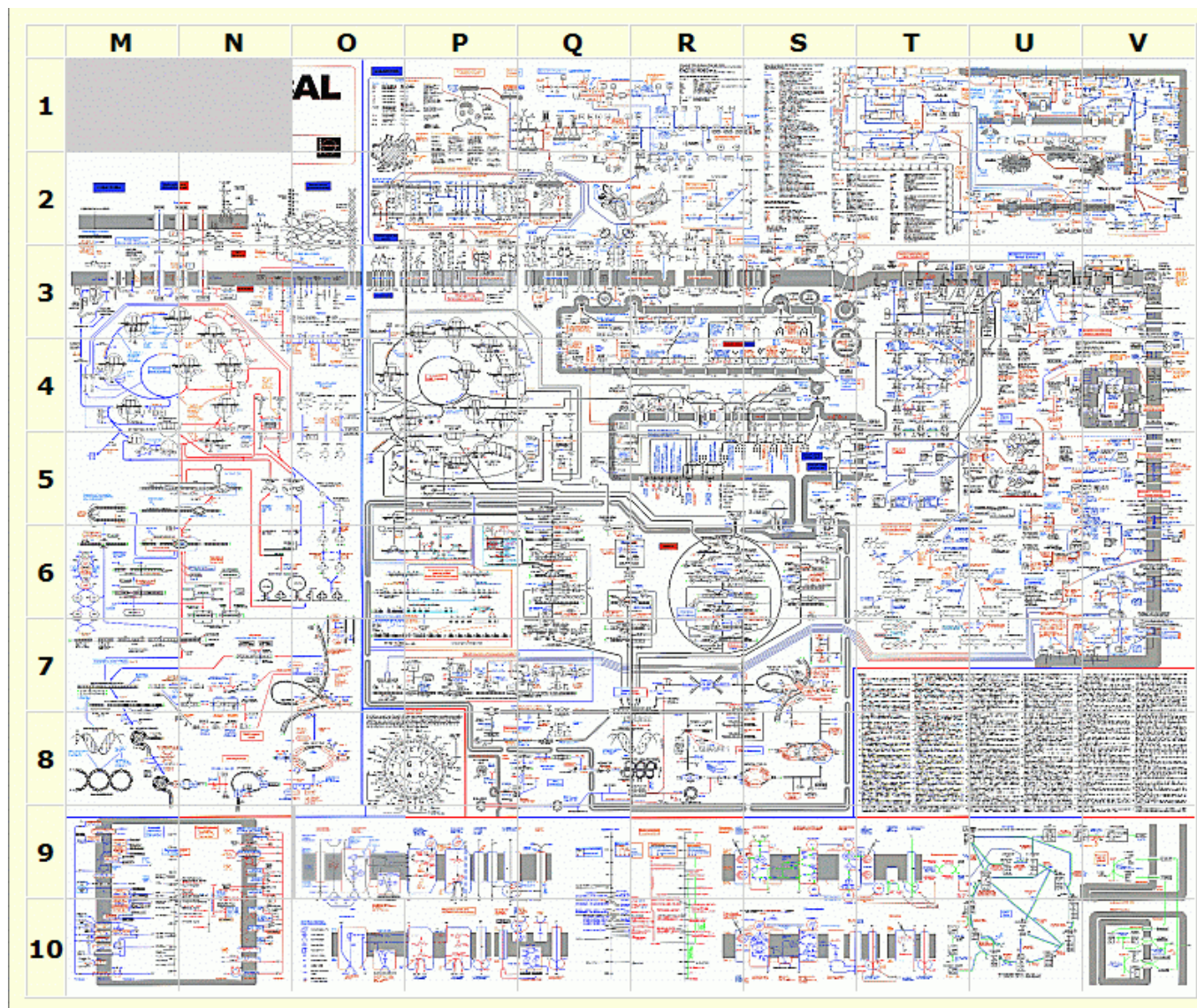
# 1. 転写制御



産総研・分子生物部・町田グループ HPより引用

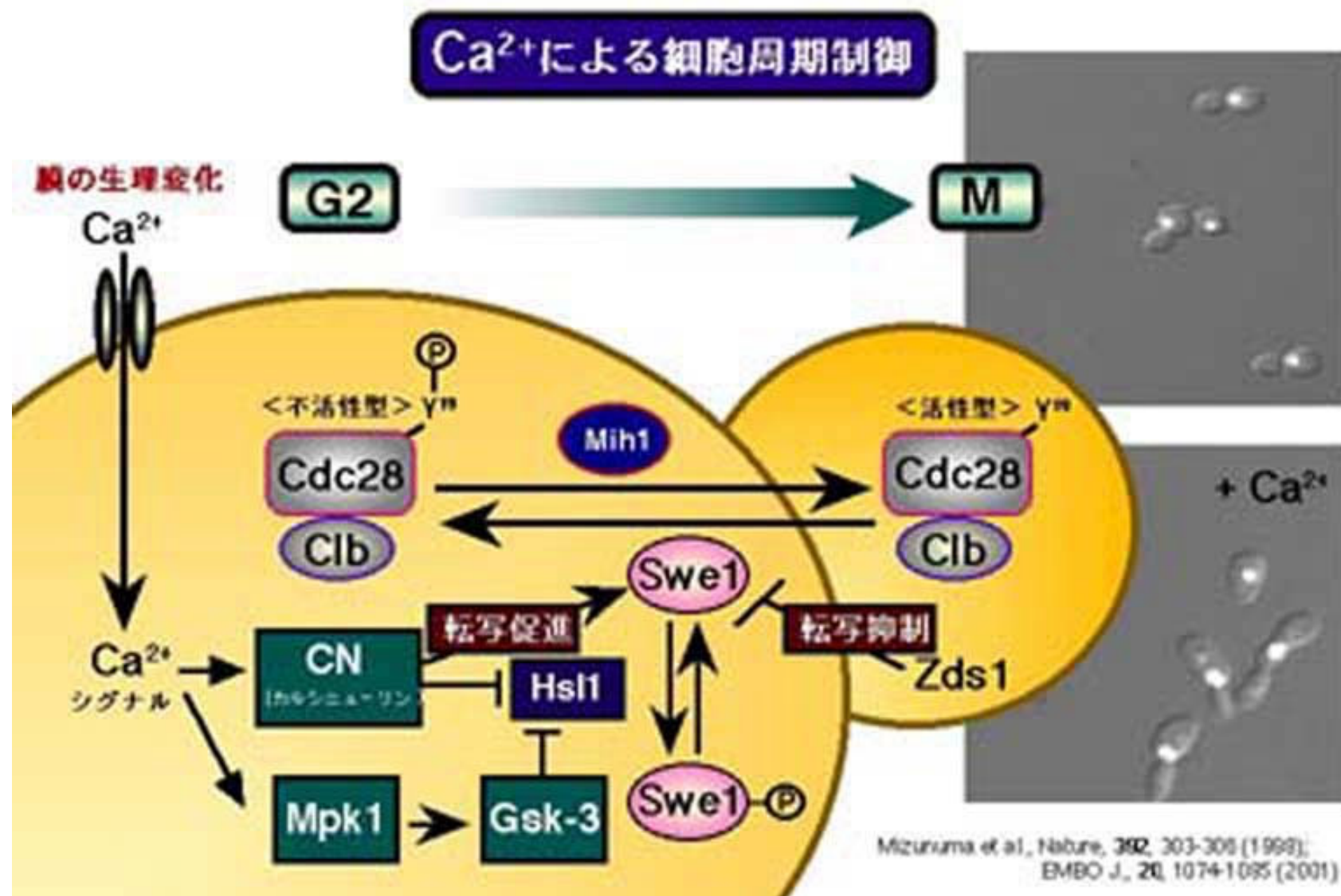
[http://www.aist.go.jp/NIBH/indexcontents/j2activity/j201maincontents/21\\_31bunshiseibutsu/25machida/25main.html](http://www.aist.go.jp/NIBH/indexcontents/j2activity/j201maincontents/21_31bunshiseibutsu/25machida/25main.html)

## 2. Cellular and Molecular Processes



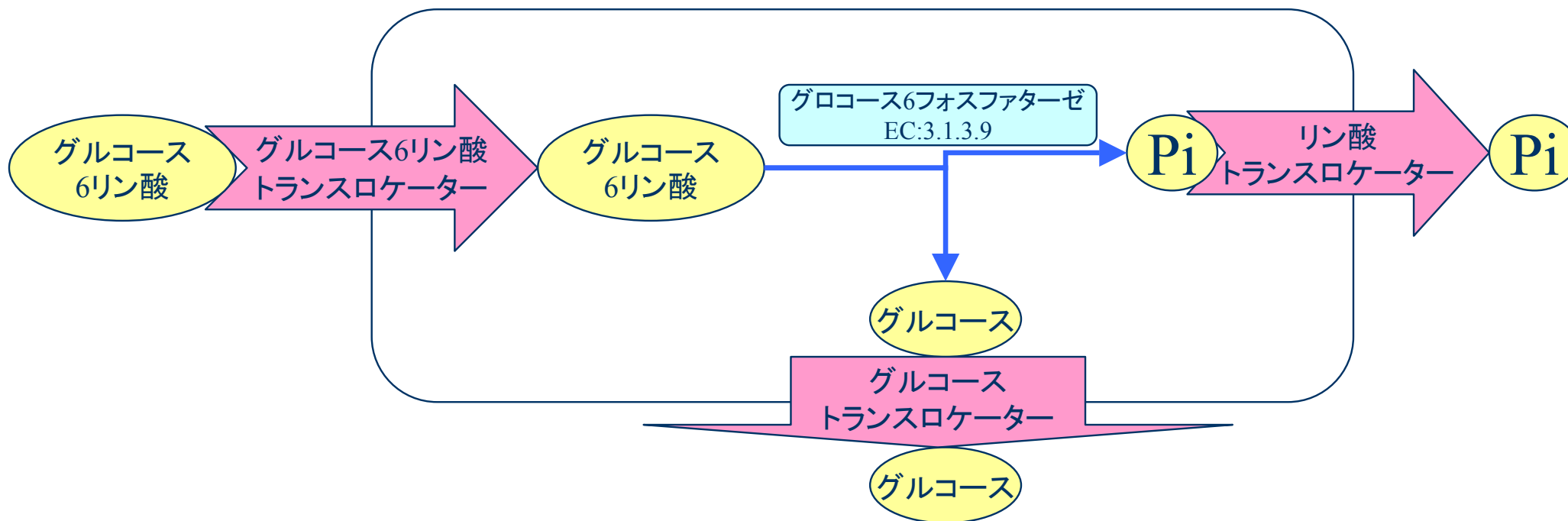
ベーリンガーマンハイムの  
Cellular and Molecular Processesマップ全体像  
[http://www.expasy.org/cgi-bin/show\\_thumbnails.pl](http://www.expasy.org/cgi-bin/show_thumbnails.pl)

# シグナル伝達



# 物質輸送

## 小胞体

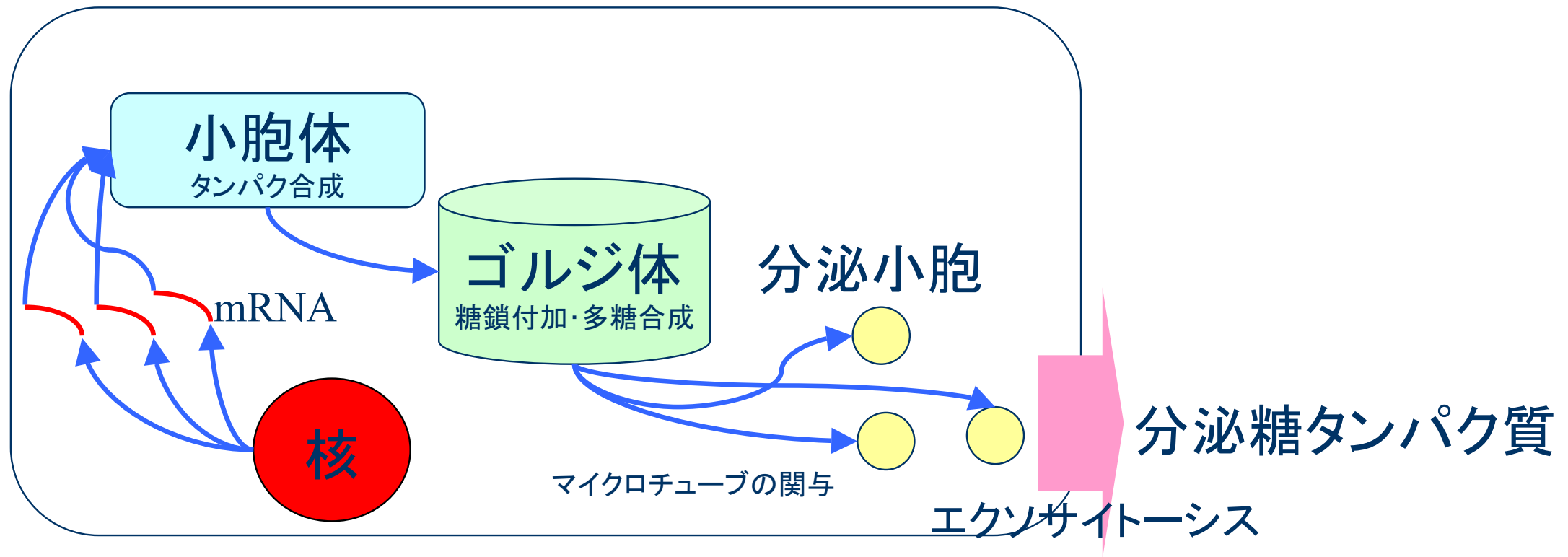


グリコーゲン分解以降のグルコース6リン酸からグルコースへの移行の例



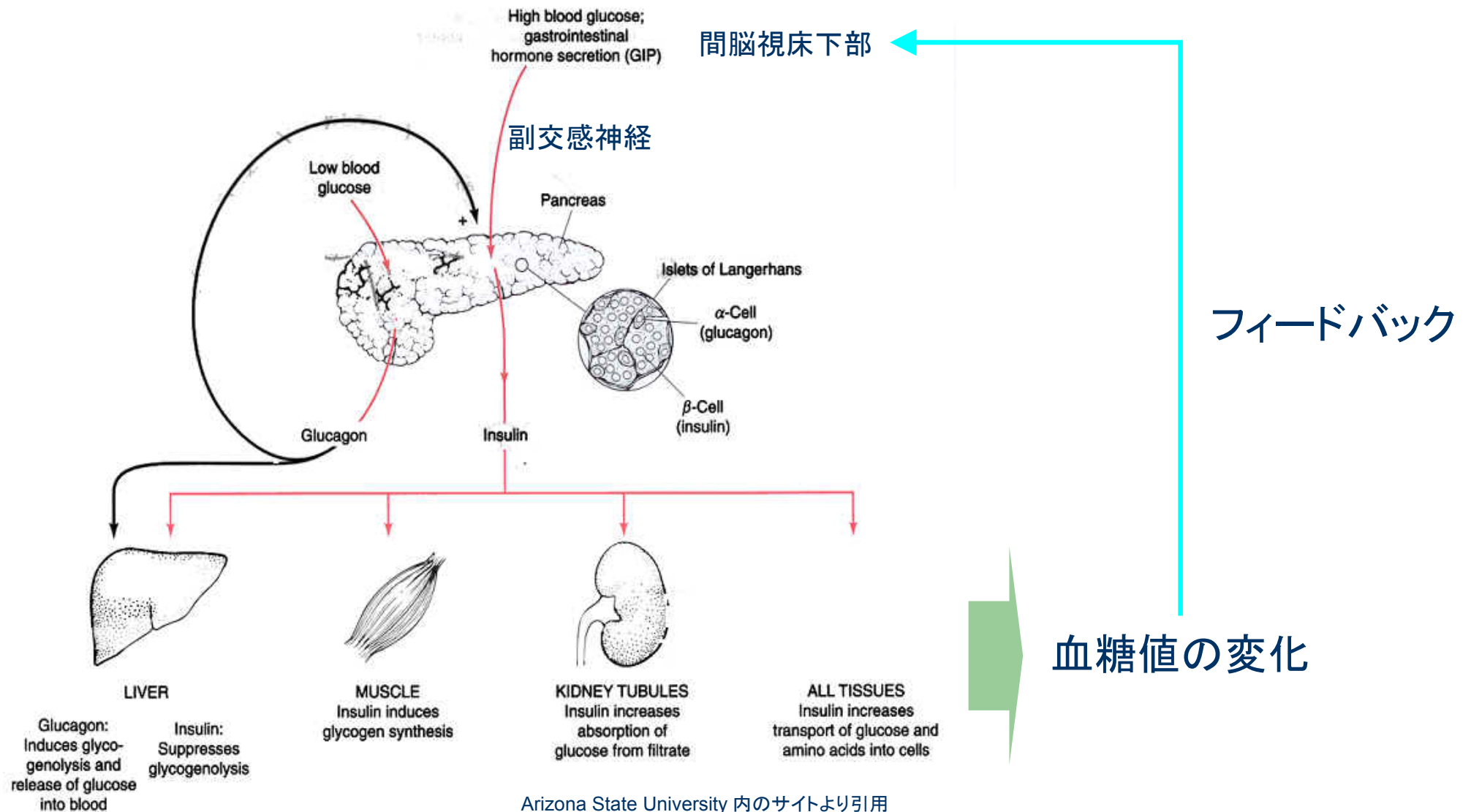
# 物質輸送

## 細胞



遺伝子から分泌糖タンパク質の細胞外放出までの流れ

# 4. ホルモンによるホメオスタシス / 血糖値調節



## Ⅲ. 代謝経路を含む生体内ネットワーク研究の重要性

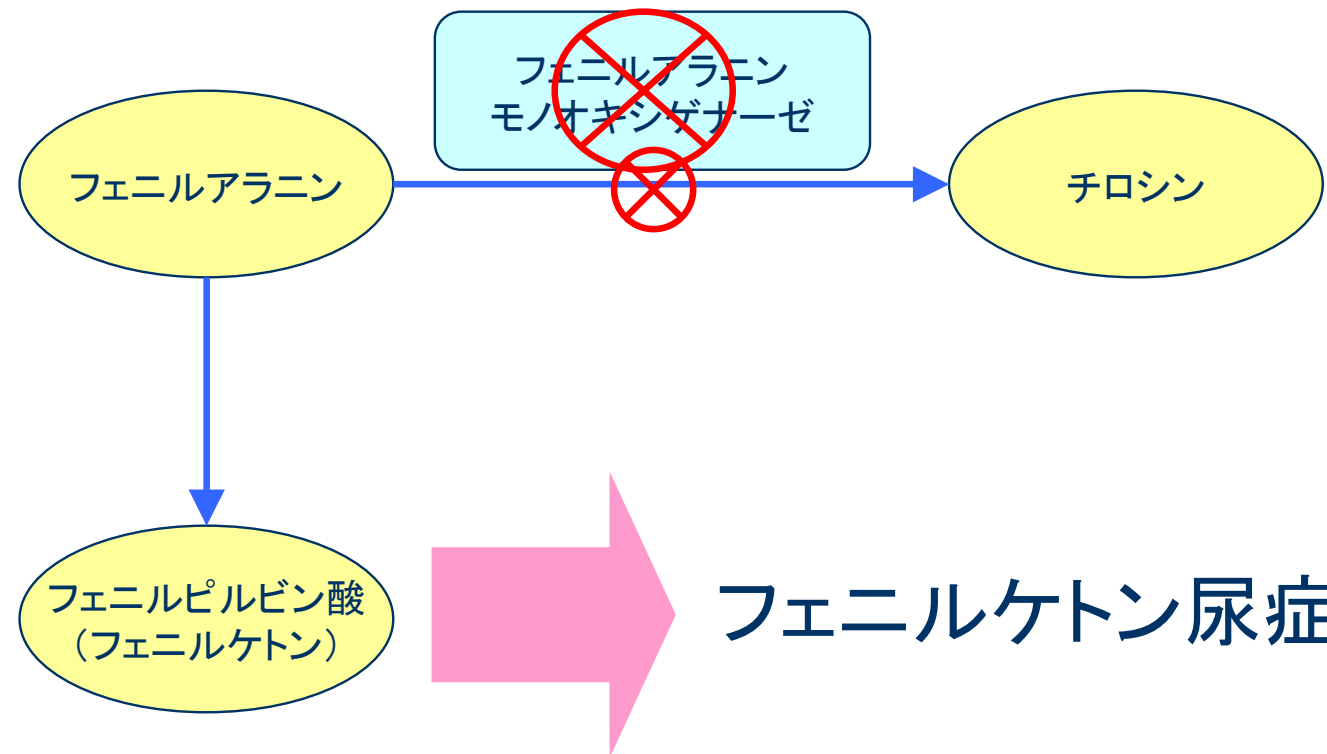
類似表現形 (Phenotype) を示す遺伝子群の探索

and

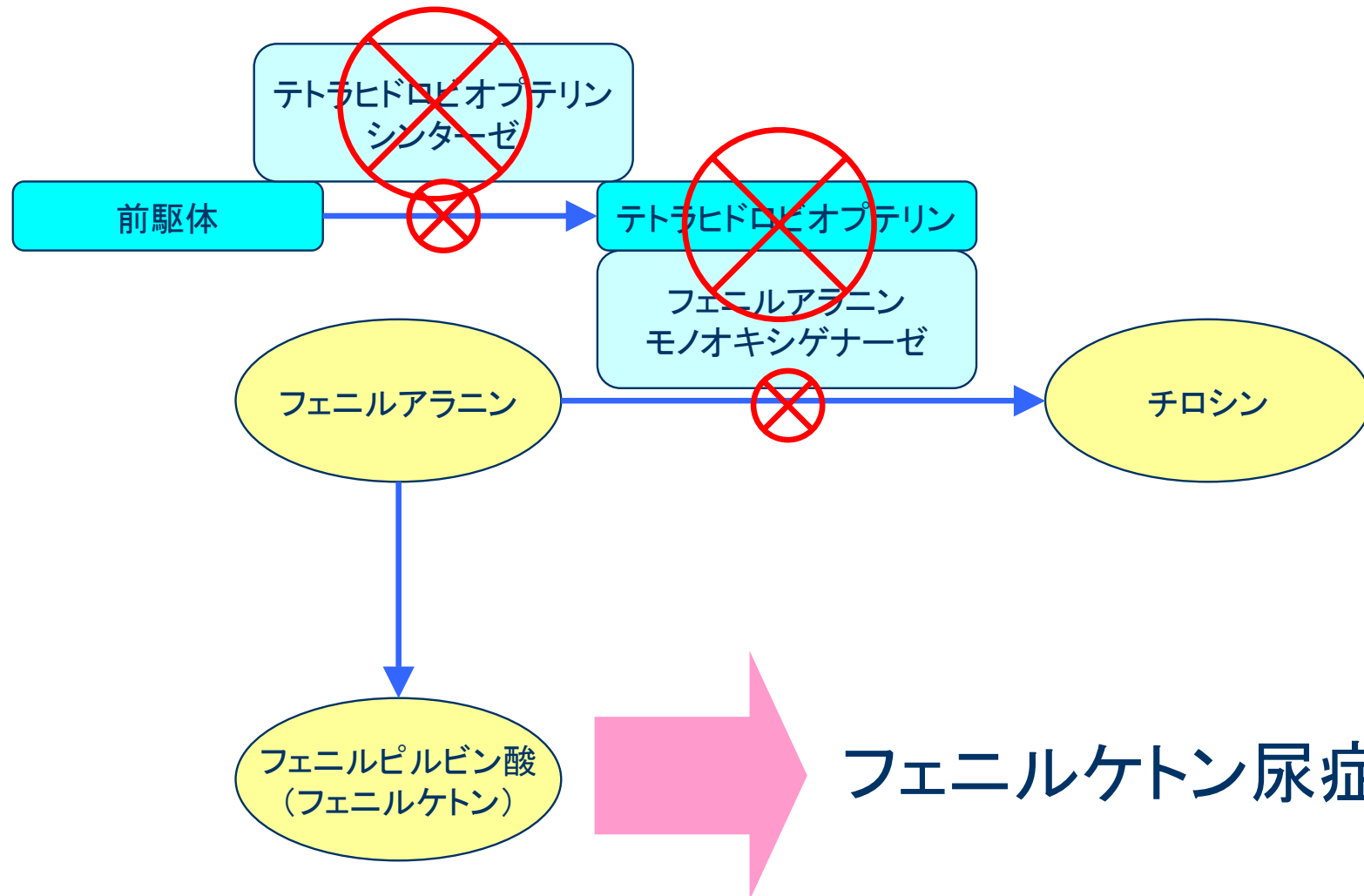
多遺伝子性の表現形をもたらす遺伝子群の探索

1. フェニルケトン尿症
2. 先天性代謝異常
  - a) 代謝経路酵素欠損の例
  - b) トランスポーター欠損の例
3. 多遺伝子性疾患の例 (Cdc25a, c-Myc)

# 1. フェニルケトン尿症

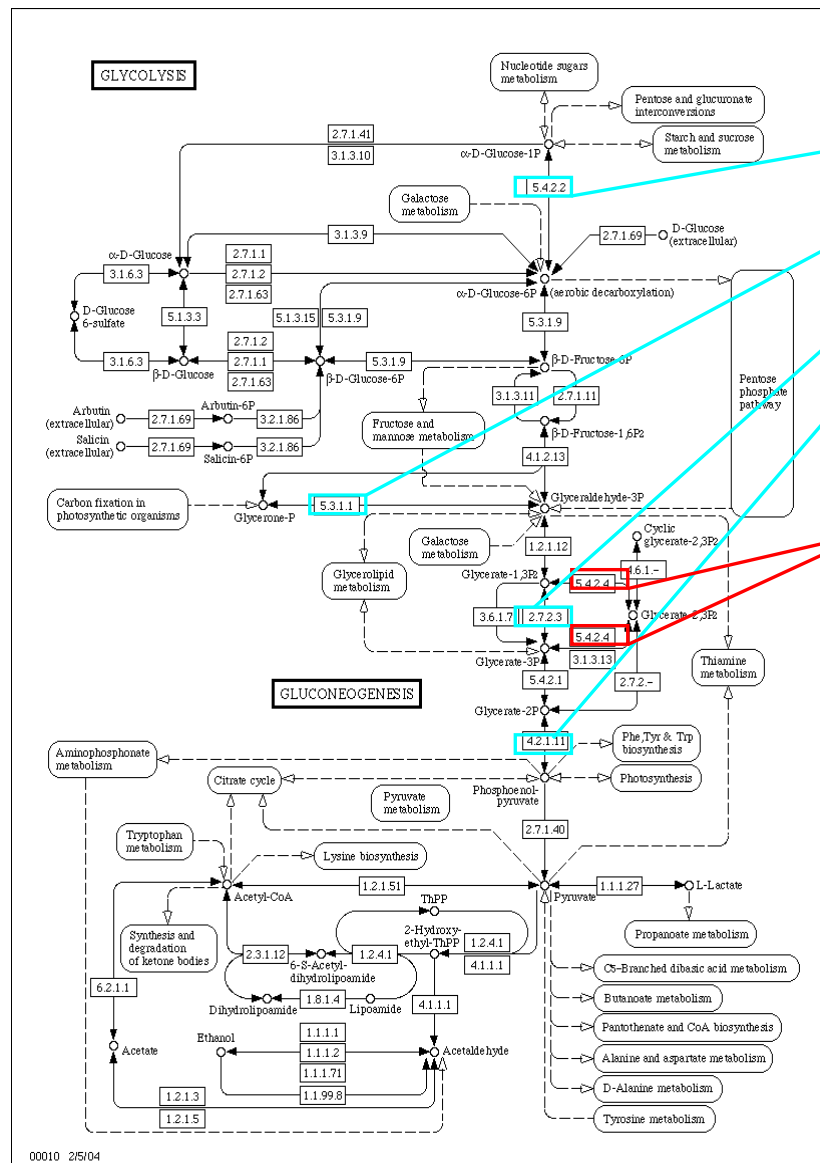


# 1. フェニルケトン尿症



## 2. 先天性代謝異常

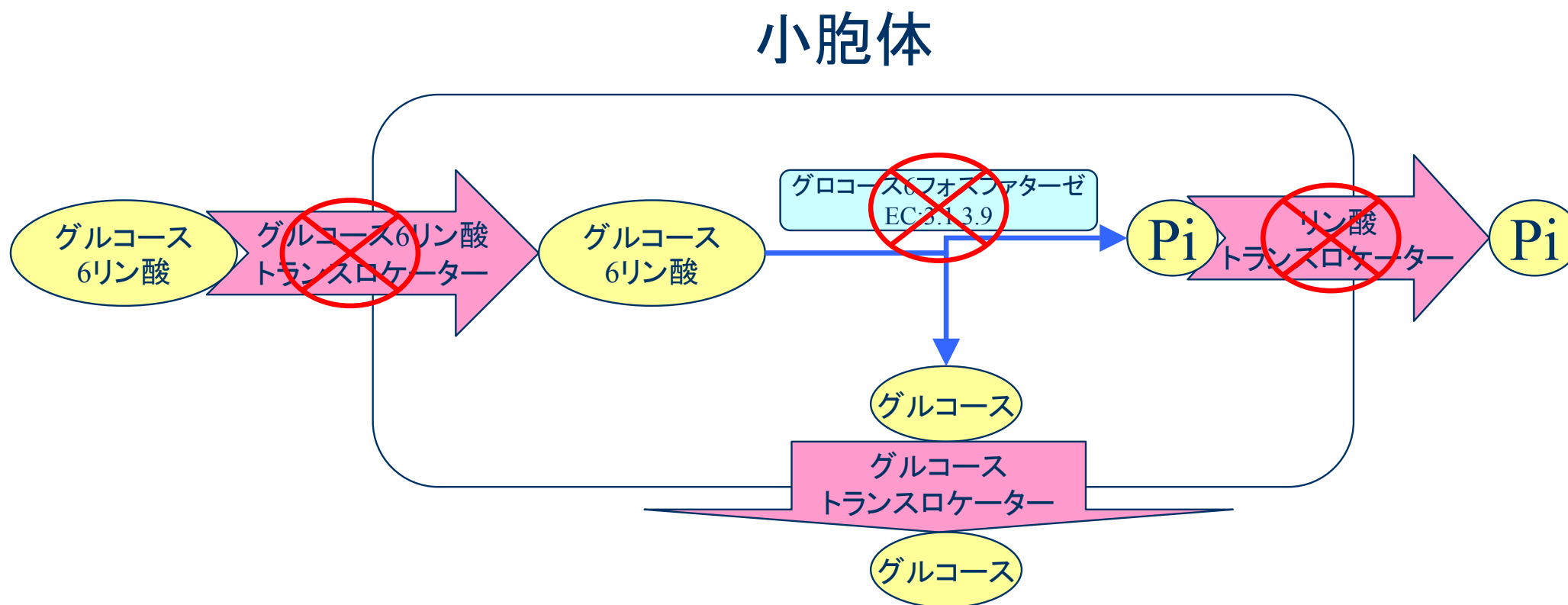
### a) 代謝経路酵素欠損の例



ミオパシーという共通した類似症状となる。  
EC:5.4.2.2 (ホスホグルコムターゼ)  
EC:5.3.1.1 (トリオースリン酸イソメラーゼ)  
EC:2.7.2.3 (ホスホグリセリン酸キナーゼ)  
EC:5.4.2.1 (ホスホグリセリン酸ムターゼ)  
(特に、EC:5.4.2.2 欠損と、EC:5.4.2.1 欠損は類似している)  
EC:5.4.2.4 (ビスホスホグリセリン酸ムターゼ)  
(赤血球におけるEC:2.7.2.3 の代替経路を担当)  
は異なる症状(軽度の赤血球増化)となる。



## b) トランスポーター欠損の例

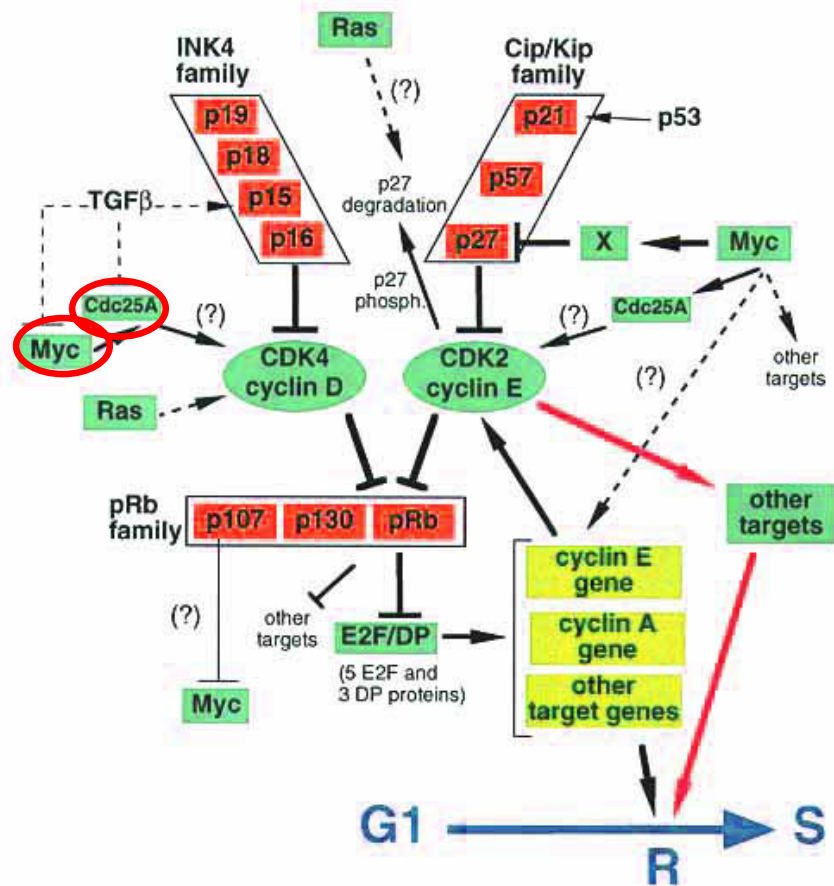


## I型糖原病 (von Gierke病)

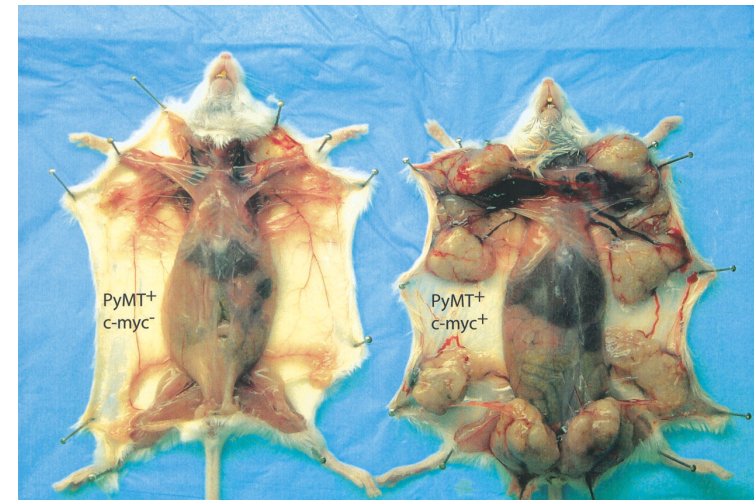
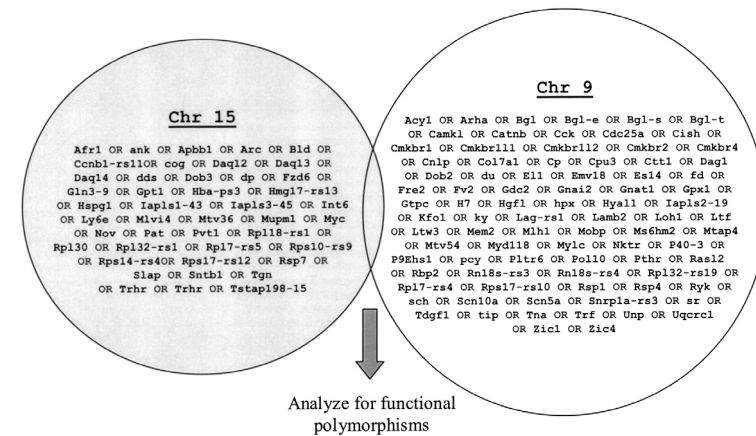
グルコース6フォスファターゼ (Ia亜型)、グルコース6リン酸トランスロケーター (Ib亜型)、リン酸トランスロケーター (Ic亜型)いずれかの喪失 (先天的遺伝子欠損) による。全て同一症状となり、血糖値低下、乳酸・ケトン体・尿酸値上昇。潜在致死性。肝種大、通風等の症状あり。

### 3. 多遺伝子性疾患の例

Amati et al. 1998



Cozma et al. 2002



# GPSシステムを用いた遺伝子対探索の例

Toyoda T, Wada A.

Omic space: coordinate-based integration and analysis of genomic phenomic interactions. *Bioinformatics*. 2004 20:1759-65.

Heida N, Hasegawa Y, Mochizuki Y, Hirosawa K, Konagaya A, Toyoda T.

TraitMap: an XML-based genetic-map database combining multigenic loci and biomolecular networks. *Bioinformatics*. 2004 20 :I152-I160.

**Omic Space . RIKEN . jp**

Omic Space is a comprehensive set of omic planes. Genomic, transcriptomic, proteomic, metabolomic, phenomic, and other omic planes are defined by two orthogonal genomic-coordinate axes and stacked in the space, where various sorts of biological networks, experimental findings, and model-based predictions are explicitly represented and integrated.

**Publication list** and other related information are available. >> [See publication list](#)

**Genome-Phenome Superhighway (GPS)** integrates various databases based on the concept of omic space, and serves as a framework for building a comprehensive computerized encyclopedia in several eukaryotes. We are accumulating genome-widely collected datasets as omic planes, and explore relationships of multiple biological interactions in various levels of omic planes. GPS helps us to retrieve the accumulated data resources, and also to conduct interactively integrative analyses for various purposes. >> [Open GPS](#)

**Genome Browser - Species**

Search:  for **H. sapiens**

eg. Pparg, D45255.97747

[Homo sapiens](#)  
[Mus musculus](#)  
[Arabidopsis thaliana](#)  
[Caenorhabditis elegans](#)

**TraitMap** is the first original database of curator-checked mapping results based on published papers. TraitMap is integrated in the GPS system, which combines multigenic loci and LIBNET in the 2D display. >> [Search TraitMap](#)

**GSC RIKEN** Since 1999, RIKEN Genomic Sciences Center (GSC) has been conducting research on the structure of genes, genomes, and proteins - the building blocks of life - from the molecular level to the individual organism.

# GPSシステムを用いた遺伝子対探索の例

Toyoda T, Wada A.

Omic space: coordinate-based integration and analysis of genomic phenomic interactions. *Bioinformatics*. 2004 20:1759-65.

Heida N, Hasegawa Y, Mochizuki Y, Hirosawa K, Konagaya A, Toyoda T.

TraitMap: an XML-based genetic-map database combining multigenic loci and biomolecular networks. *Bioinformatics*. 2004 20 :I152-I160.

The screenshot shows the 'Genome-Phenome Superhighway (GPS)' website. The browser window title is 'Genome-Phenome Superhighway - Microsoft Internet Explorer'. The address bar shows 'http://eps.gsc.riken.go.jp/eps/index.html'. The page content includes:

- Genome ↔ Phenome Superhighway (GPS)**: A paragraph explaining the integration of various databases and the concept of omic space.
- Species - Genome Browser**: A section with icons for *H.sapiens*, *M.musculus*, *C.elegans*, and *A.thaliana*.
- Omic Space**: A diagram showing a 3D coordinate system with axes for 'phenome', 'genome', and 'metabolome'. Text explains that omic space is a comprehensive set of omic planes (genomic, transcriptomic, proteomic, metabolomic, phenomic) defined by two orthogonal axes.
- For access to the unpublished data, please login.**: A login form with fields for 'User Name' (containing 'Administrator') and 'Password'.
- TraitMap**: A section describing TraitMap as a first original database of curator-checked mapping results, integrated into the GPS system.
- Our aim**: A statement of purpose to discover survival strategies of life and provide fundamental knowledge for human health.
- Since 2001**: A note that GPS has been developed at RIKEN, implemented as the GPS by Genomic Knowledge-Base Research Team, GSC, RIKEN.
- Navigation Menu**: A vertical menu on the right side with options like 'Top Page', 'Genomic Sciences Center', 'GSCOpe', 'About Us', 'Link', 'COLLABORATORS', 'HELP', and 'Filter by Keyword'.
- Footer**: Copyright information for RIKEN and contact details for 'gscope@gsc.riken.jp'.

# GPSシステムを用いた遺伝子対探索の例

Toyoda T, Wada A.

Omic space: coordinate-based integration and analysis of genomic phenomic interactions. *Bioinformatics*. 2004 20:1759-65.

Heida N, Hasegawa Y, Mochizuki Y, Hirosawa K, Konagaya A, Toyoda T.

TraitMap: an XML-based genetic-map database combining multigenic loci and biomolecular networks. *Bioinformatics*. 2004 20 :I152-I160.

Genome-Phenome Superhighway - Microsoft Internet Explorer

ファイル(F) 編集(E) 表示(V) お気に入り(A) ツール(T) ヘルプ(H)

戻る(B) 進む(F) 検索(S) お気に入り(O) メディア(M) リンク(L)

アドレス(A) http://eps.gsc.riken.go.jp/eps/index.html

**Species: *Mus musculus***  
**Chromosome: 1-X**  
**Length: 2,577,261,074 bp**

Search:

Horizontal

Menu Horizontal Vertical

Horizontal

Species: *M. musculus*

Chromosome: -

Length: -

Range

Start:

End:

Filter by Keyword:

[FULL SCREEN]

To view this web site, you click "GET macromedia FLASH PLAYER" button and get latest version of Flash Player.

Please send comments and questions to [gscope@gsc.riken.jp](mailto:gscope@gsc.riken.jp)  
Copyright © RIKEN (The Institute of Physical and Chemical Research), Japan. All rights reserved.

ページが表示されました インターネット

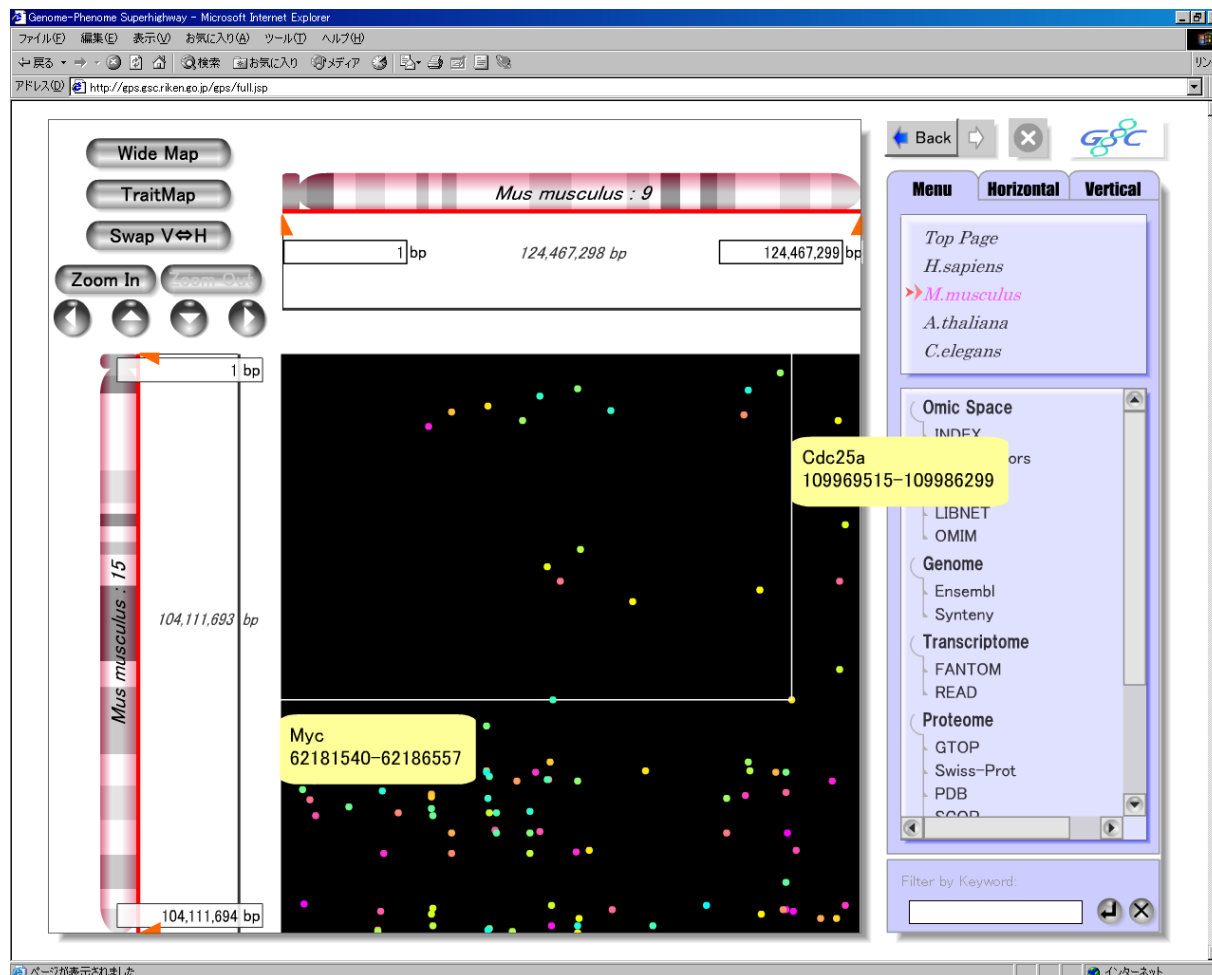
# GPSシステムを用いた遺伝子対探索の例

Toyoda T, Wada A.

Omic space: coordinate-based integration and analysis of genomic phenomic interactions. *Bioinformatics*. 2004 20:1759-65.

Heida N, Hasegawa Y, Mochizuki Y, Hirosawa K, Konagaya A, Toyoda T.

TraitMap: an XML-based genetic-map database combining multigenic loci and biomolecular networks. *Bioinformatics*. 2004 20 :I152-I160.





## IV. 代謝経路・ネットワークのデータベース

### 1.Boehringer Mannheim: Biochemical Pathways

<http://www.expasy.org/cgi-bin/search-biochem-index>

### 2.KEGG: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes

<http://www.genome.ad.jp/kegg/>

### 3. BRITE

<http://www.genome.ad.jp/brite/>

### 4. DIP

<http://dip.doe-mbi.ucla.edu/>

### 5. EcoCyc

<http://www.ecocyc.org/>

### 6.AraCyc

<http://www.>

### 7. ARMデータベース

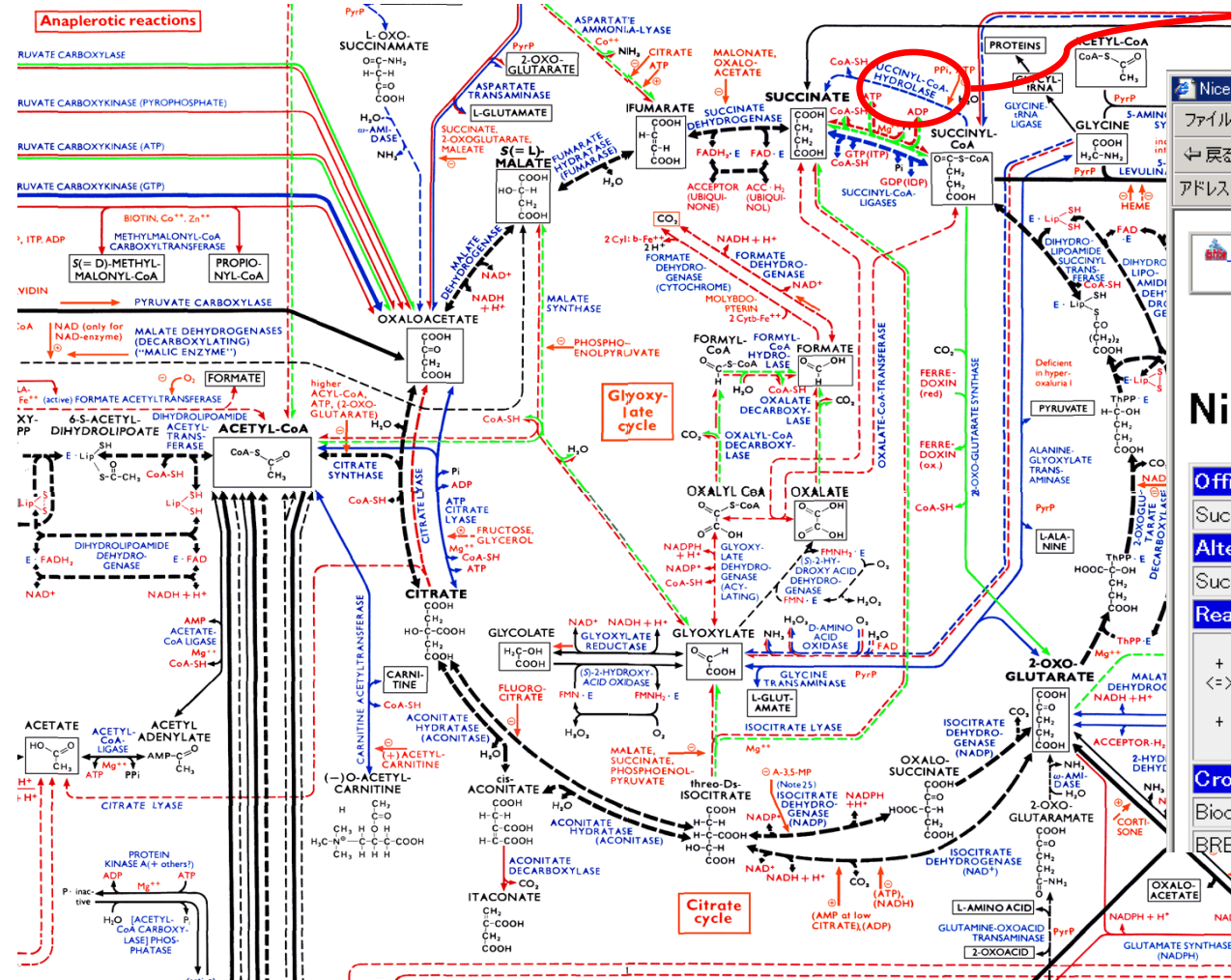
<http://www.metabolome.jp/>

### 8. BiKLi(Biological Knowledge Library)

<http://www.gsc.riken.go.jp/>

# Boehringer Mannheim: Biochemical Pathways

<http://www.expasy.org/cgi-bin/search-biochem-index>



NiceZyme View of ENZYME: 31.2.3 - Microsoft Internet Explorer

ファイル(F) 編集(E) 表示(V) お気に入り(A) ツール(T) ヘルプ(H)

戻る 検索 お気に入り メディア

アドレス http://www.expasy.ch/cgi-bin/nicezyme.pl?31.2.3

ExPASy Home Site Map Search ExPASy Contact us ENZYME Swiss-Prot

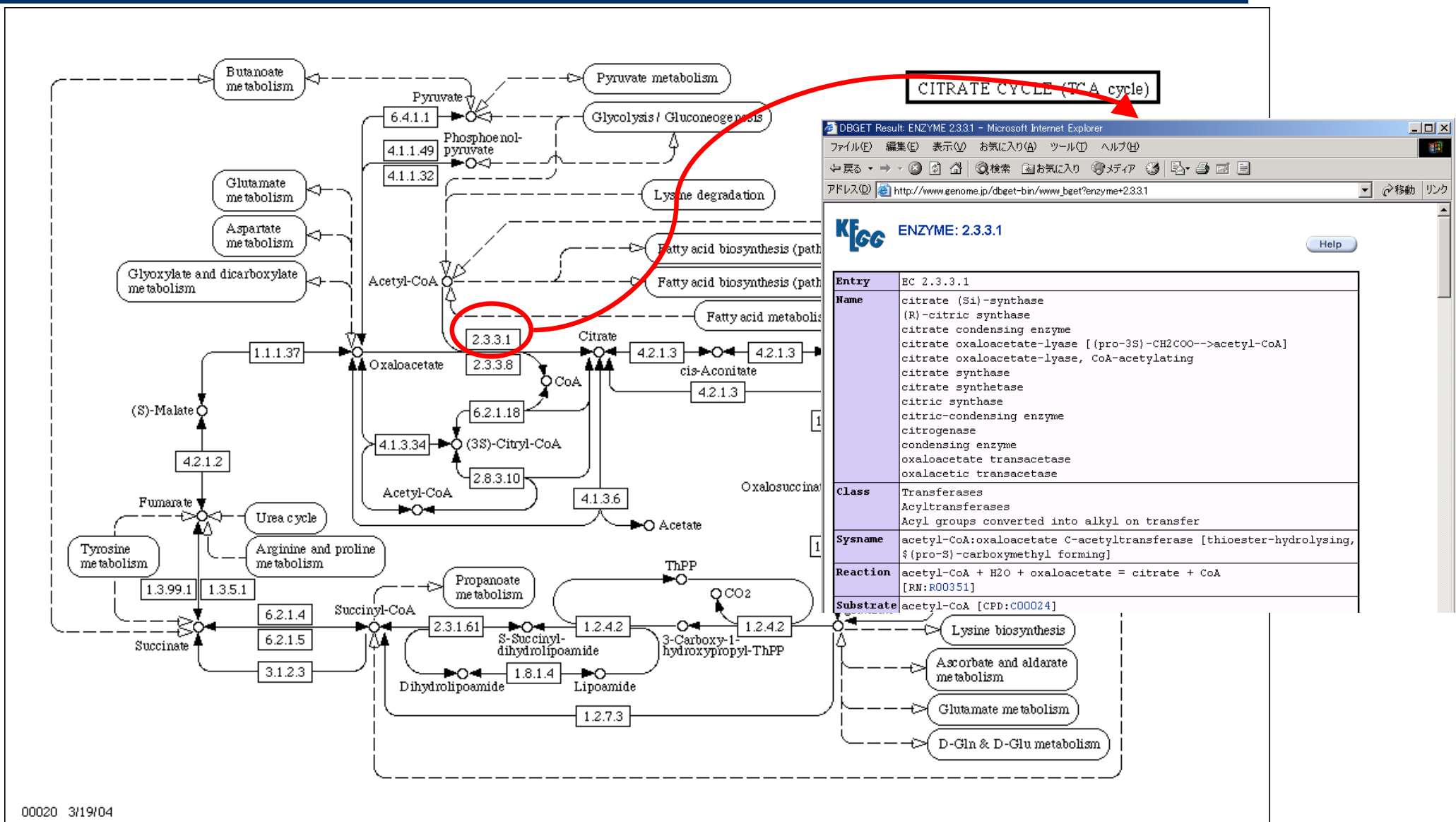
Search Swiss-Prot/TrEMBL for Go Clear

### NiceZyme View of ENZYME: EC 3.1.2.3

<b>Official Name</b>	Succinyl-CoA hydrolase.
<b>Alternative Name(s)</b>	Succinyl-CoA acylase.
<b>Reaction catalysed</b>	Succinyl-CoA + H <sub>2</sub> O => CoA + succinate
<b>Cross-references</b>	Biochemical Pathways; map number(s) G5 BRENDA 3.1.2.3

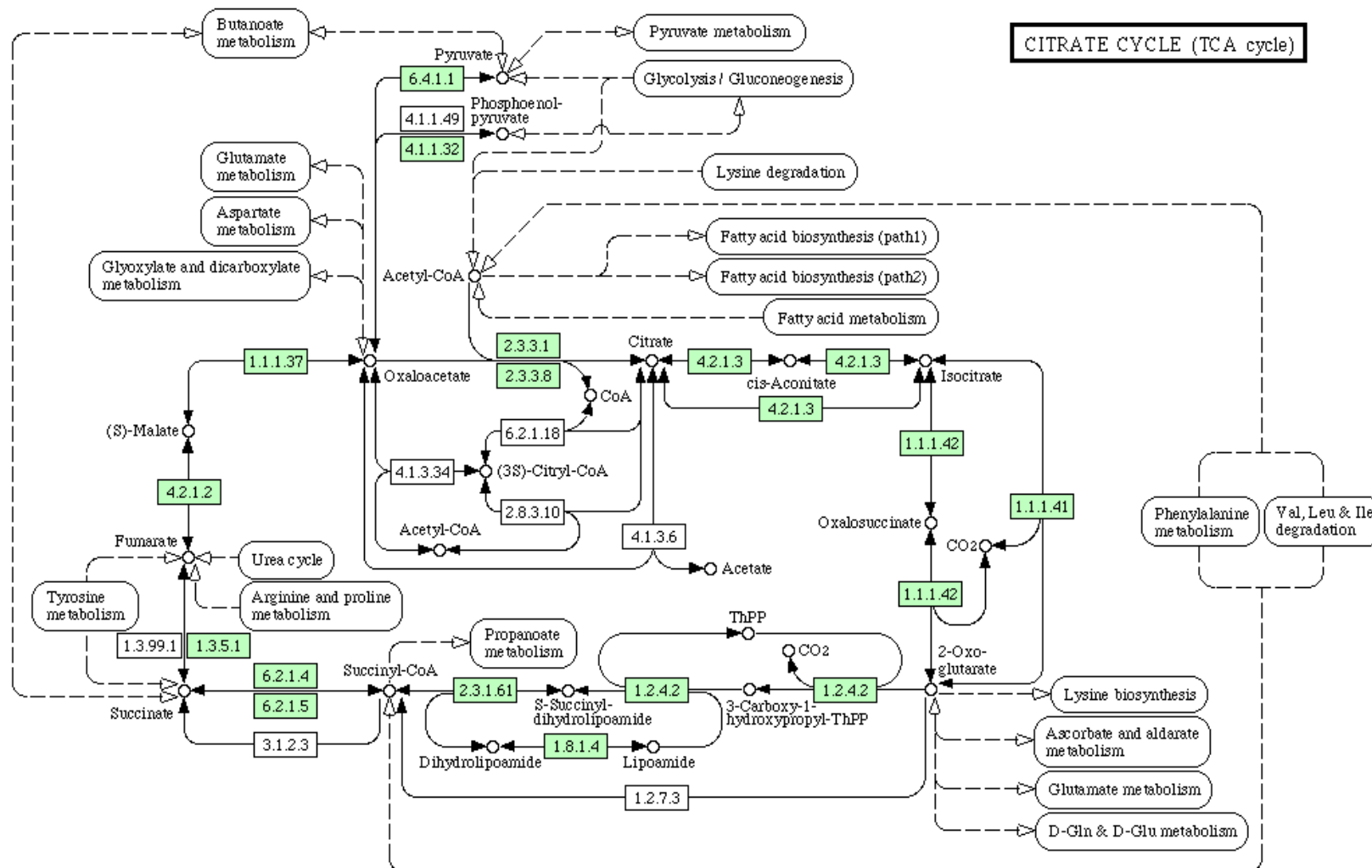
# KEGG(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)

<http://www.genome.ad.jp/kegg/kegg2.html>



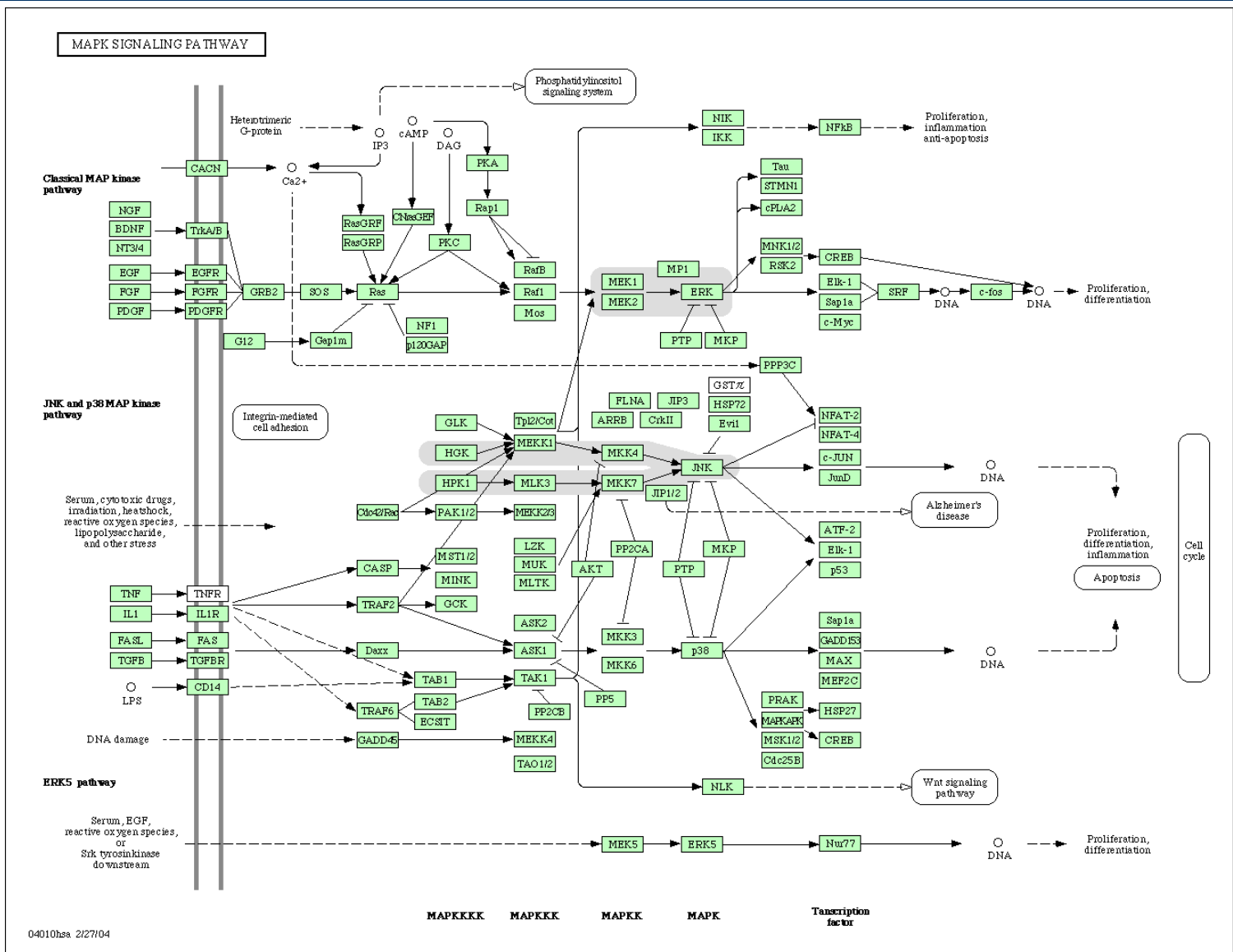
# KEGG(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)

<http://www.genome.ad.jp/kegg/kegg2.html>



# KEGG(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)

<http://www.genome.ad.jp/kegg/kegg2.html>



# BRITE(Biomolecular Relations in Information Transmission and Expression)

<http://www.genome.ad.jp/brite/>

## Generalized protein interactions

### Direct protein-protein interaction (PPrel)

Protein-protein interactions compiled from literature

[78 interactions](#) from *D. melanogaster* development

[46 interactions](#) from *S. cerevisiae* cell cycle

Yeast two-hybrid system interactions of *S. cerevisiae* proteins

[841 interactions](#) by [Ito et al. \(2001\)](#) (Core set)

[4,549 interactions](#) by [Ito et al. \(2001\)](#) (Full set)

[186 interactions](#) by [Ito et al. \(2000\)](#)

[957 interactions](#) by [Uetz et al. \(2000\)](#)

Yeast two-hybrid system interactions of *H. pylori* proteins

[1,465 interactions](#) by [Rain et al. \(2000\)](#)

### Gene expression relation (GErel)

Transcription factors and target gene products

[E. coli two-component system](#): 21 interactions from [KEGG ortholog group table\(2001/06/27\)](#)

[B. subtilis two-component system](#): 28 interactions from [KEGG ortholog group table\(2001/06/27\)](#)

### Enzyme-enzyme relation (ECreI)

Two enzymes catalyzing successive reaction steps from [KEGG metabolic pathways](#)

[14,960 Enzyme-enzyme relations](#) (2000/05/24)

[4,087 Enzyme-enzyme relations of S. cerevisiae](#)(2000/05/24)

*Last updated: January 8, 2003*

PPIを調べた文献がまとまっている。

## Generalized protein interactions

[http://www.genome.ad.jp/brite/generalized\\_interactions.html](http://www.genome.ad.jp/brite/generalized_interactions.html)




# DIP(Database of Interacting Proteins)

<http://dip.doe-mbi.ucla.edu/>

タンパク質の相互作用データベースであるが、元々、生物種間のホモロジーを「interac」と想定しており、PPIのようなタンパク質結合性というよりも、生物種間のホモロジーをまとめたデータが多くなっている。使用には登録が必要である。

<http://dip.doe-mbi.ucla.edu/dip/Download.cgi?SM=2>



Database of Interacting Proteins

[FILES:main](#) [\[HiTHR\]](#) [\[FULL\]](#) [\[FASTA\]](#) [\[YEAST\]](#) [\[CORE\]](#) [\[SPECIES\]](#) [\[SEARCH:TOP\]](#) [\[LOGIN\]](#)

### DIP DOWNLOAD

High throughput datasets				
Dataset	Description	Format	File	File [.gz]
Li2004a	A set of <i>C. elegans</i> identified using yeast two hybrid approach. See Li <i>et al.</i> (2004, ScienceExpress, 2 January 2004) for experimental detail. Note, that only the original (experimental) results described in the paper are included in the data set.	<a href="#">xin</a>	<a href="#">[HTTP]</a>	<a href="#">[HTTP]</a>
		<a href="#">tab</a>	<a href="#">[HTTP]</a>	<a href="#">[HTTP]</a>
		<a href="#">mif</a>	<a href="#">[HTTP]</a>	<a href="#">[HTTP]</a>
Giot2003a	A set of <i>D. melanogaster</i> binary protein-protein interactions identified using yeast two hybrid approach. See Giot <i>et al.</i> [PMID:14605208] for experimental details.	<a href="#">xin</a>	<a href="#">[HTTP]</a>	<a href="#">[HTTP]</a>
		<a href="#">tab</a>	<a href="#">[HTTP]</a>	<a href="#">[HTTP]</a>
		<a href="#">mif</a>	<a href="#">[HTTP]</a>	<a href="#">[HTTP]</a>
Gavin2002a	A set of <i>S. cerevisiae</i> protein-protein interactions identified by TAP purification of protein complexes followed by mass-spectrometric identification of individual components. The data is provided as a list of binary 'bait-prey'-type interactions. See Gavin <i>et al.</i> [PMID:11805826] for experimental details.	<a href="#">xin</a>	<a href="#">[HTTP]</a>	<a href="#">[HTTP]</a>
		<a href="#">tab</a>	<a href="#">[HTTP]</a>	<a href="#">[HTTP]</a>
		<a href="#">mif</a>	<a href="#">[HTTP]</a>	<a href="#">[HTTP]</a>

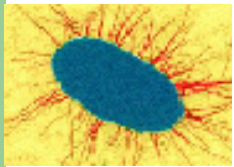
Other datasets are available for registered users. Please, [login](#) or, if you are not a registered user, [register](#).



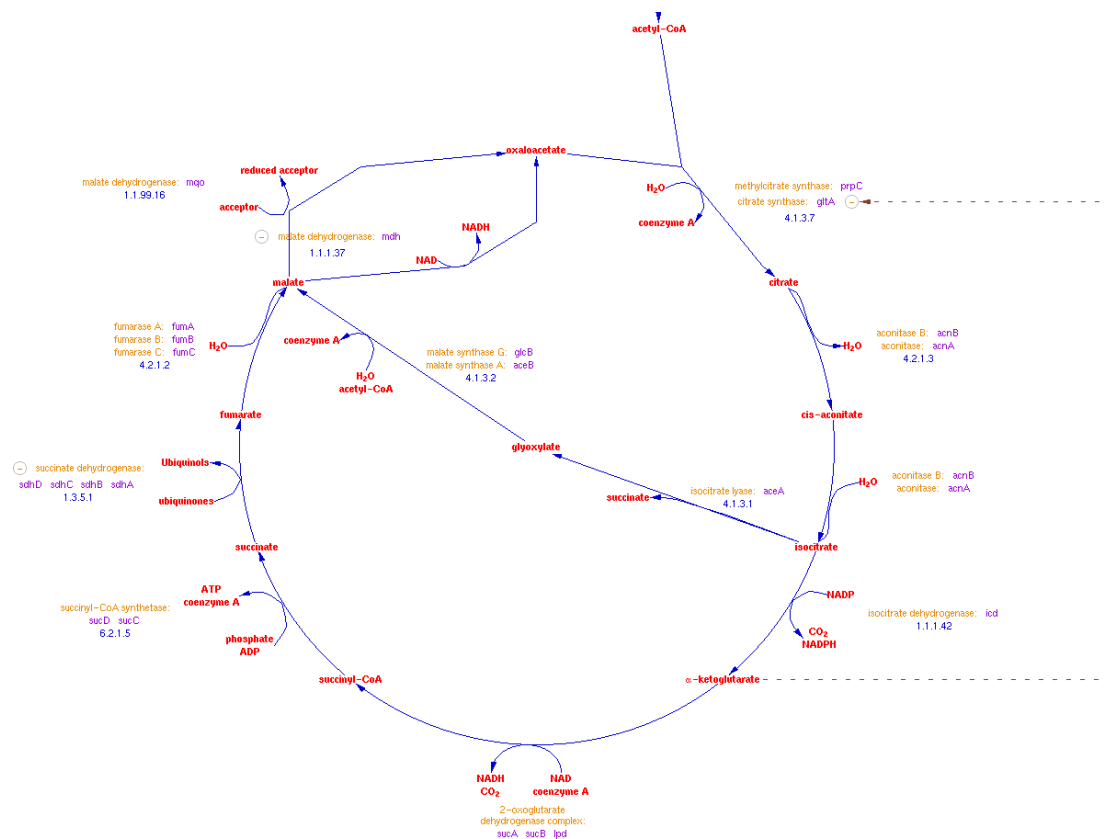
# EcoCyc

<http://www.ecocyc.org/>

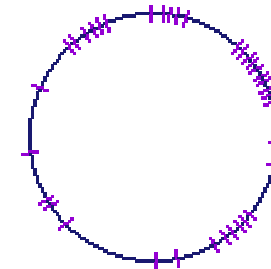
## 大腸菌を主とした代謝経路データベース



### *E. coli* K-12 Pathway: superpathway of glycolysis, pyruvate dehydrogenase, TCA, and glyoxylate bypass



### Locations of Mapped Genes



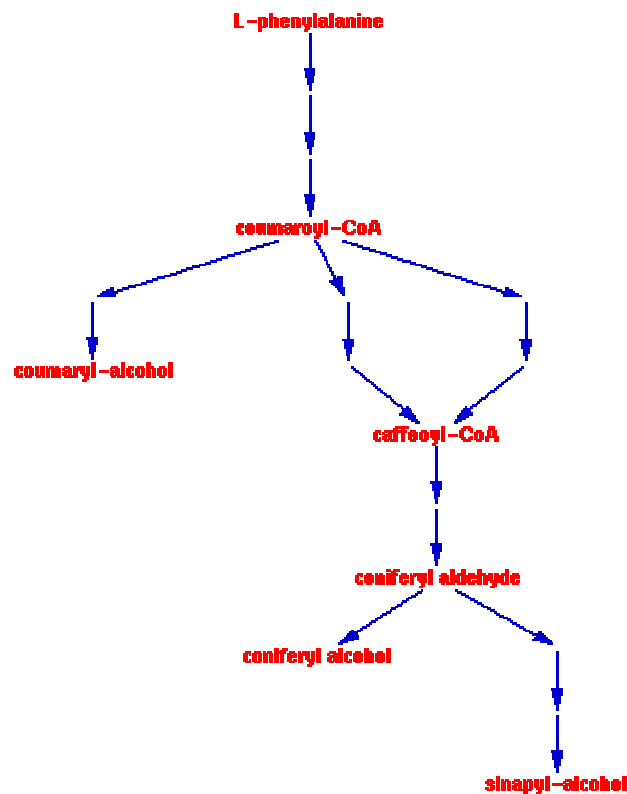
# AraCyc

<http://www.arabidopsis.org/tools/aracyc/>

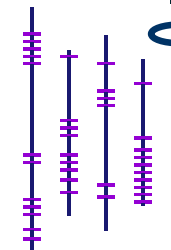
EcoCycを元にした、シロイヌナズナの代謝経路データベース



## *A. thaliana* Pathway: lignin biosynthesis



Locations of Ma



**Locus: AT5G04330**  
Date last modified: 2003-05-02  
TAIR Accession: Locus:2179959  
Representative Gene Model: AT5G04330.1

Annotations	Category	Relationship Type	Keyword
	GO Biological Process	involved in	<a href="#">electron transport</a>
	GO Cellular Component	located in	<a href="#">cellular component unknown</a>
	GO Molecular Function	has	<a href="#">monooxygenase activity</a>
		none	<a href="#">oxygen binding</a>

RNA Data

Data from Expression Microarrays	array element name ?	alias(es)	avg. log ratio ?	std. error ?	expression viewer	SMD spot history
	245710_AT					

Description ? cytochrome P450, putative / ferulate-5-hydroxylase, putative, Similar to Cytochrome

# ARM(Atomic Reconstruction of Metabolism)データベース

<http://www.metabolome.jp/>

代謝物の分子構造に注目し、構造変化(残基の移動)を元にした経路合成・探索を可能とするツール  
ARM Search Tool が特徴的である(Java2 plug-in必要、IEで閲覧する)

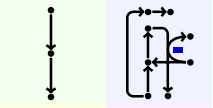
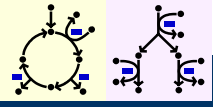
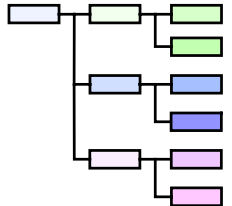
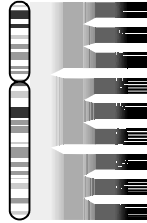
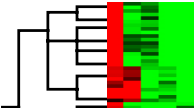
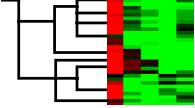
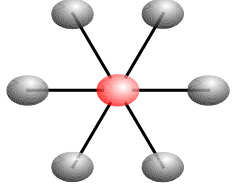
The screenshot displays the ARM Search Tool interface. On the left is a navigation menu with links: Home, News & Updates, What's the ARM Project?, Research, Contact Us, and Links. The main content area is titled "ARM Search Tool" with a disclaimer. It contains a search form with "Source Compound" set to "pyruvic acid" and "Target Compound" set to "D-Glucose". Below the form, a status message reads "Found 11 items in DB armWWW". A list of 11 pathways is shown, each with a length and a sequence of metabolites. The first pathway is "Length 6: PyrAci->MetGly->DihAcePho->FruPho->Fru->Glu". A "SELECT HERE: TO COMPUTE MORE PATHWAYS" link is provided. Below the list, it says "Search excludes CO2;".

To the right of the search results is a "Java Applet Window" displaying a chemical pathway diagram. The diagram shows the conversion of Pyruvic acid to D-Glucose through several intermediates: Methyl-glyoxa, Dihydroxy-acetone phosphate, and D-Fructose 1-phosphate. Chemical structures are shown for each metabolite, with arrows indicating the direction of the reaction. The diagram is titled "File Edit" and "Java Applet Window".

At the bottom of the page, a timestamp reads "Sat May 22 15:32:08 JST 2004 This page is automatically generated."

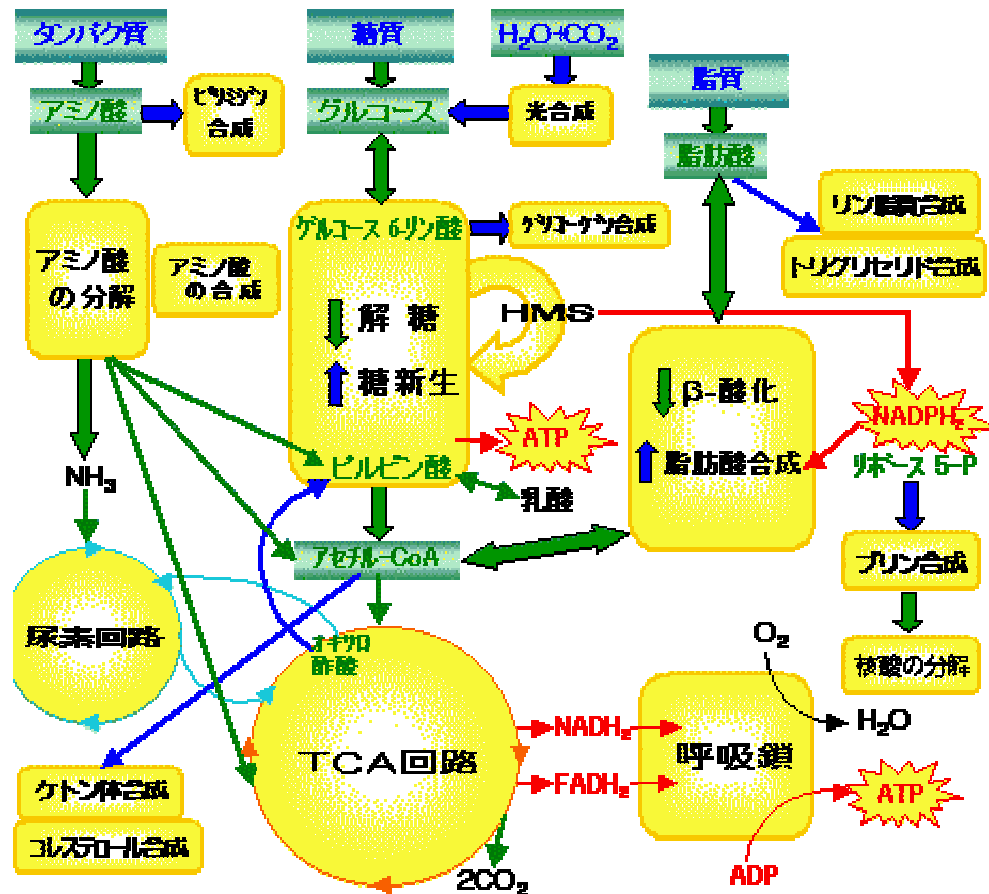
# BiKLi(Biological Knowledge Library)

マイクロアレイデータ解析に有益な生体内ネットワークデータをまとめたライブラリ

		Classification	files of dataset	Data source
Kegg type metabolic pathway		Neighborhood in the pathways	KEGG_pathway.fbml	all species KEGG
AraCyc type pathway				
			AraCyc_pathway.fbml	<i>Arabidopsis thaliana</i> AraCyc
			AGI_EC.apdx	
Gene Ontology		Biological process Molecular function Cellular component	Component.fbml    Function.fbml Process.fbml    Goslim_plant.2003.fbml Other goslim.fbml files	all species Gene Ontology (GO) Consortium
			RAFL_GO.apdx    AGI_GO.apdx	
Gene position on the genome		Neighborhood on the genome	Arabidopsis_Genome.fbml	<i>Arabidopsis thaliana</i> MIPS <i>Arabidopsis thaliana</i> database (MATDB)
			RAFL_position.apdx	
			AGI_position.apdx	
Zinnia Transcription		Similarities of expression profiles	Zinnia_transdifferentiation.fbml	<i>Zinnia elegans</i> Demura et al., 2002
Arabidopsis Transcription				
			RAFL_AGI.apdx	
			Arabidopsis_drought_stress.fbml	<i>Arabidopsis thaliana</i> Seki et al., 2002
Worm PPI		Components of directly interacting proteins	Worm_PPI.fbml	<i>Caenorhabditis elegans</i> Li et al., 2004
Yeast PPI				
			RAFL_worm_gen.apdx AGI_worm_gene.apdx	
			Yeast_PPI.fbml	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> Ito et al., 2001
			RAFL_yeast_gen.apdx AGI_yeast_gene.apdx	

# (番外)代謝経路の入門に適したサイト

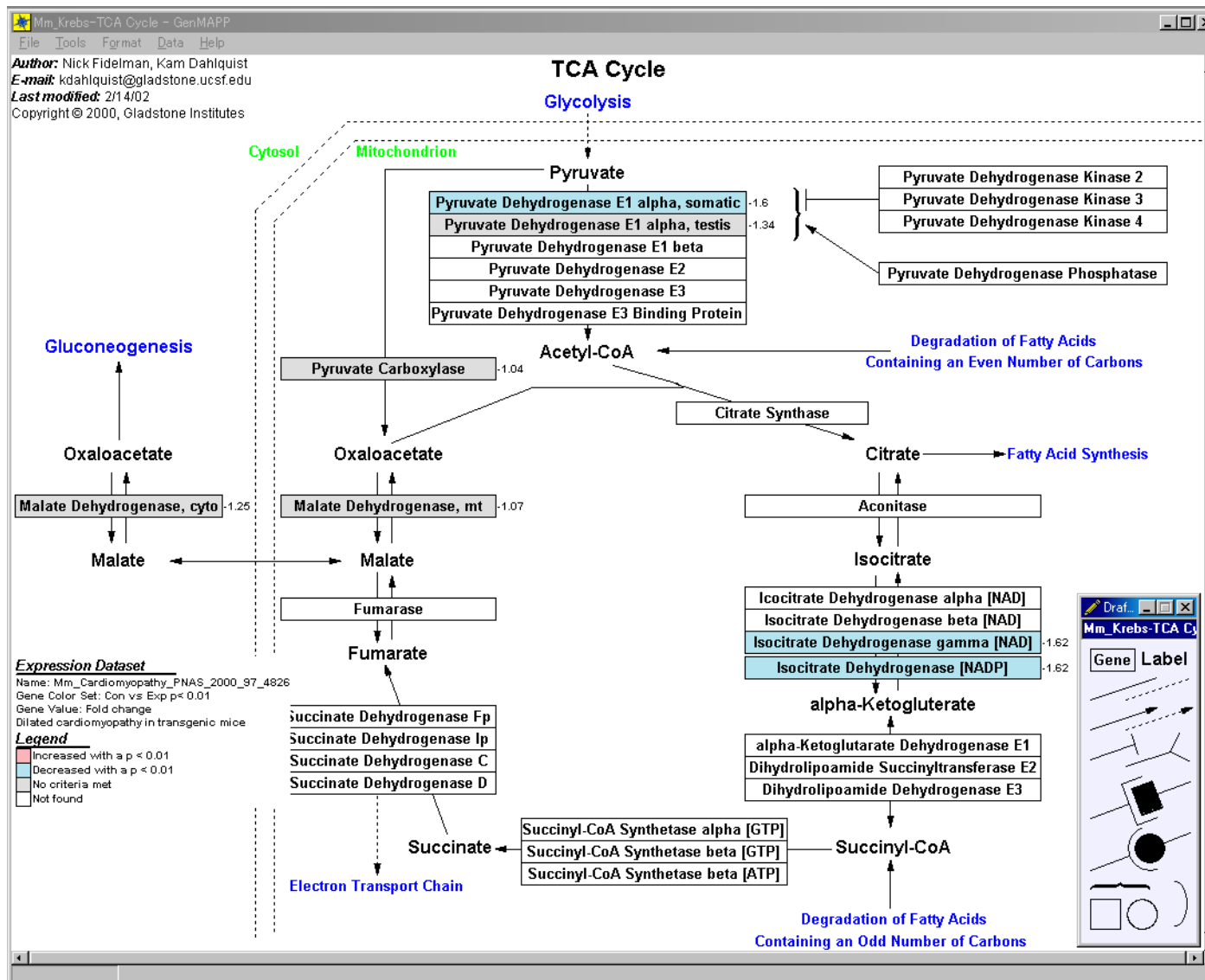
福岡大学・理学部・化学科・機能生物化学研究室・代謝マップ  
<http://133.100.212.50/~bc1/Biochem/index.htm>



## V. 代謝経路・ネットワークを扱うコンピュータソフトに関して

1. GenMapp&MAPPFinder  
<http://www.genmapp.org/>
2. ViMAc  
Luyf et al. 2002
3. GSCope (GeneSpiral)  
<http://gscope.gsc.riken.go.jp/>

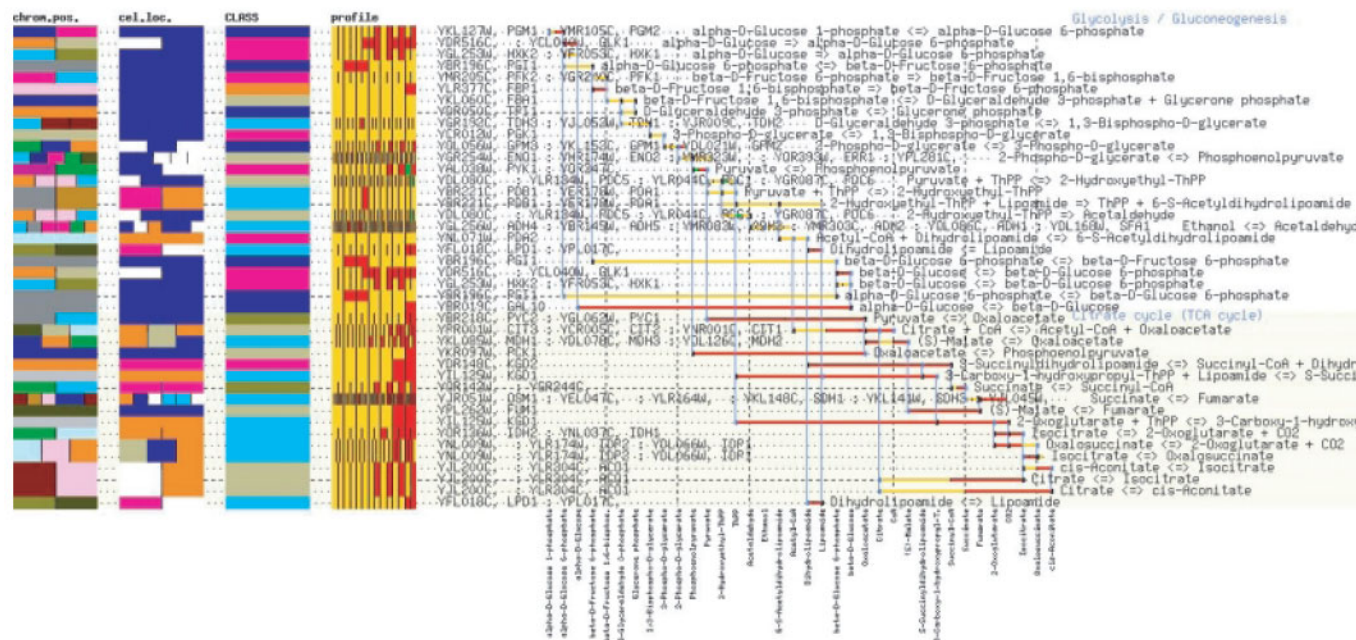
# 1. GenMapp <http://www.genmapp.org/>



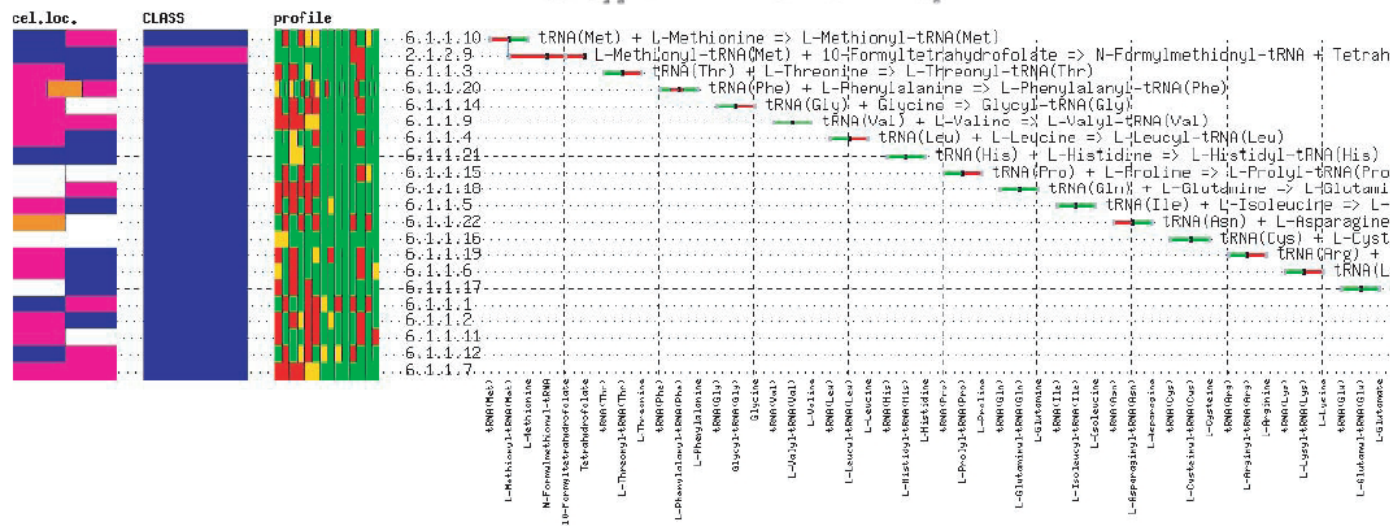
遺伝子発現をマップ上に視覚化できる。  
Windows上で作動する。



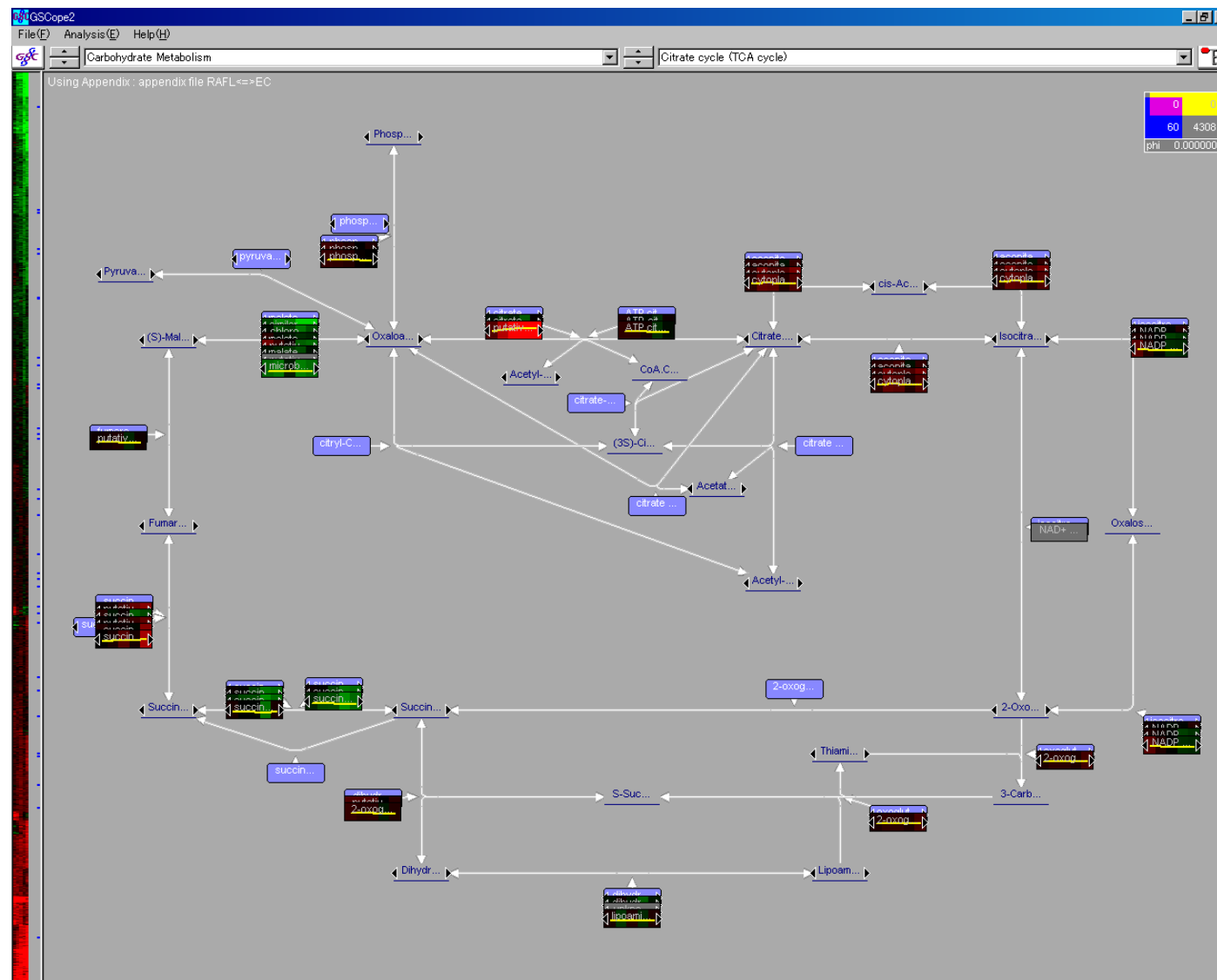
## 2. ViMAc Luyf et al. 2002



遺伝子発現分析のために、ユーザーに適したゲノムワイドな代謝地図を作れる。UNIX上で動き、Perlが必要サーバを構築する必要有り。

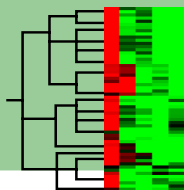


### 3. GSCope (GeneSpiral)



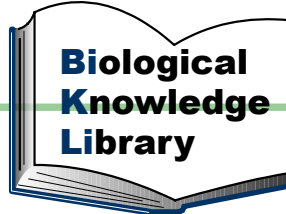
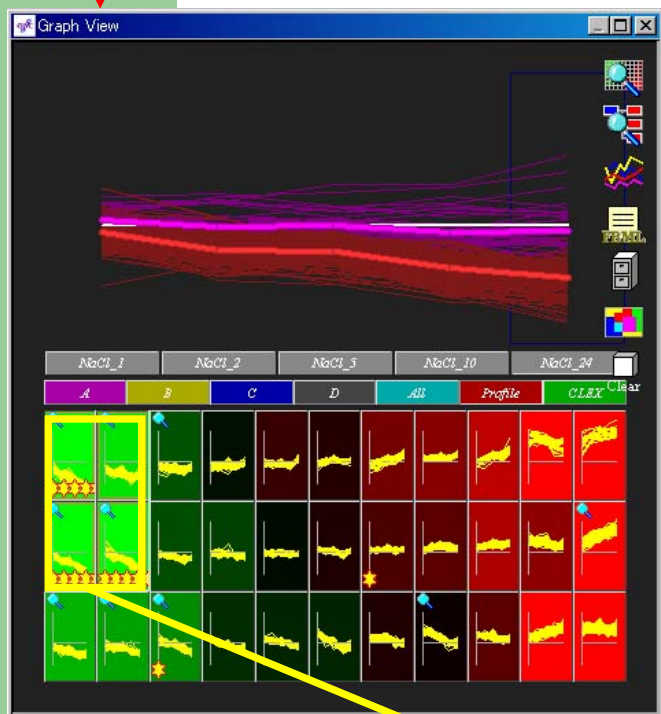
GSCopeを用いた代謝経路表示  
とマイクロアレイデータの反映

experiment

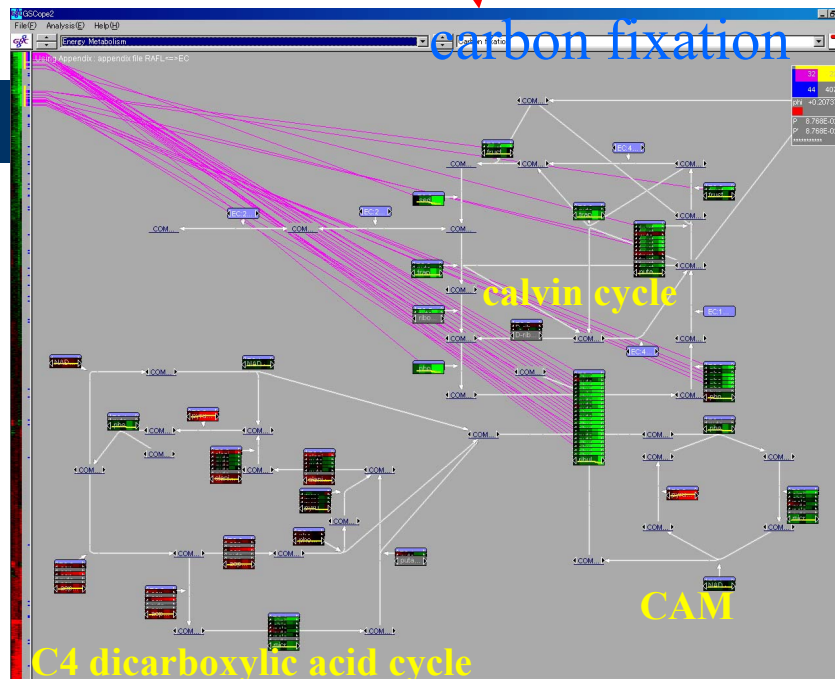
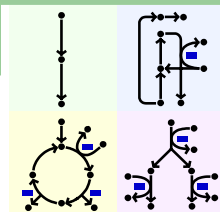


Gene-expression change on drought stress

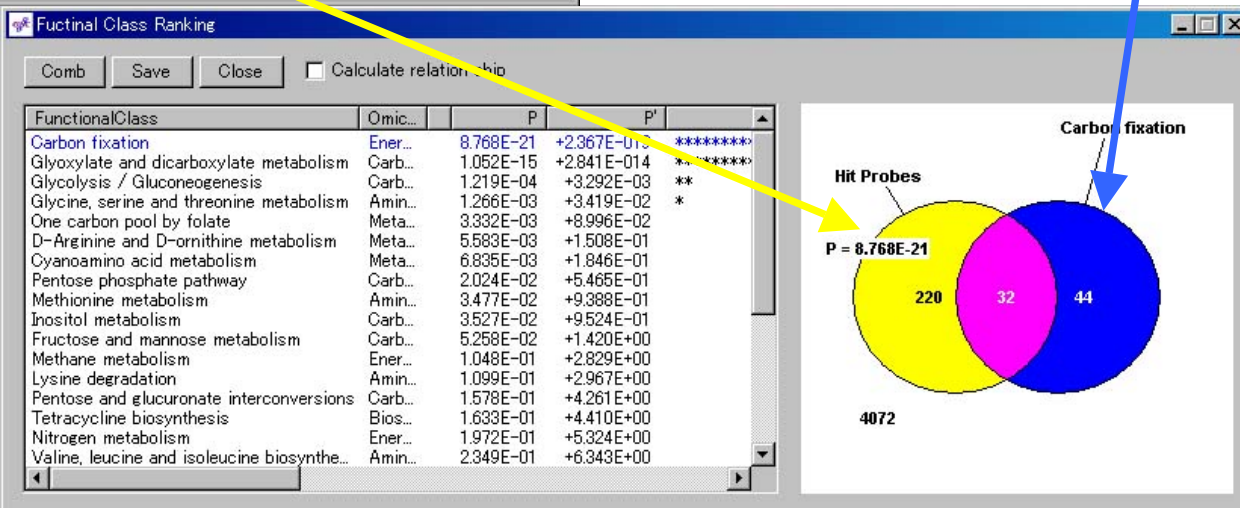
SOM clustering of profiles



Metabolic pathways



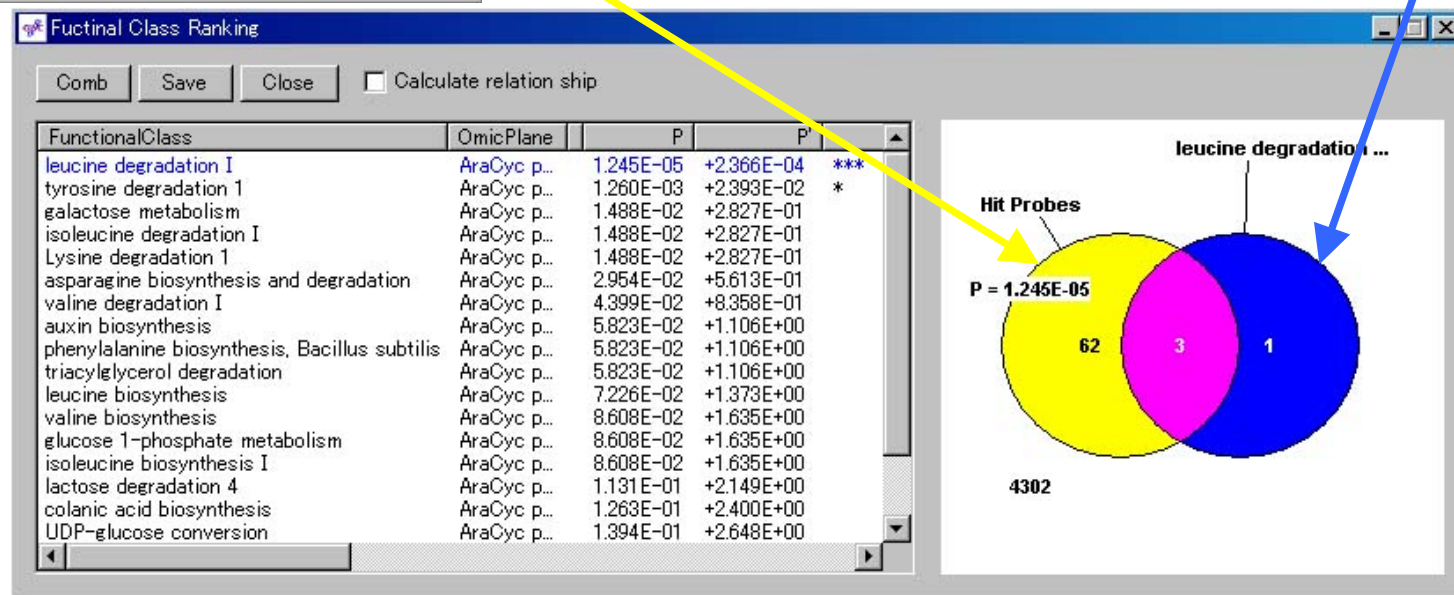
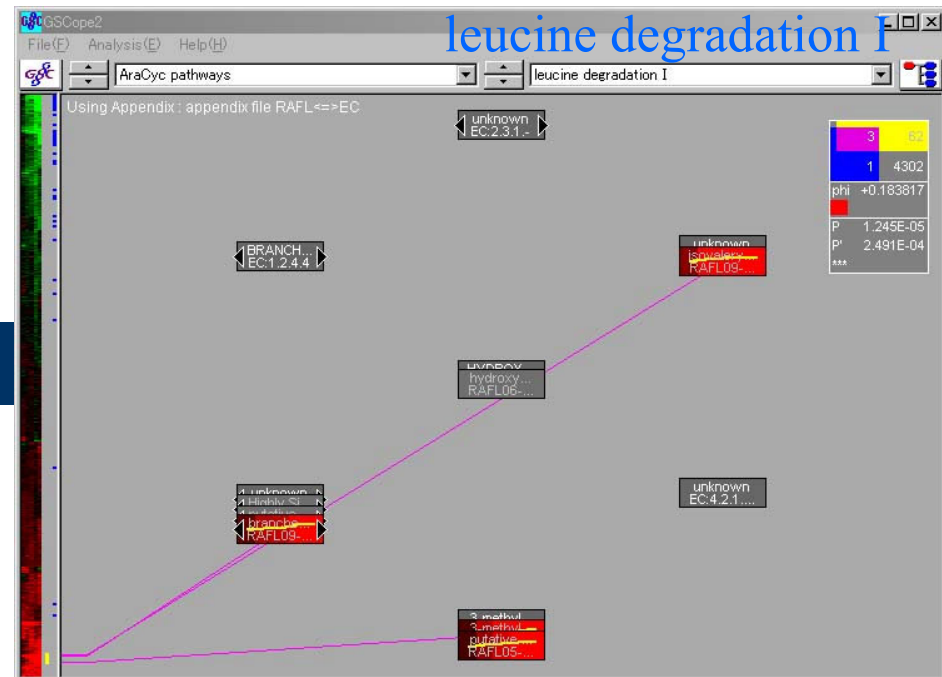
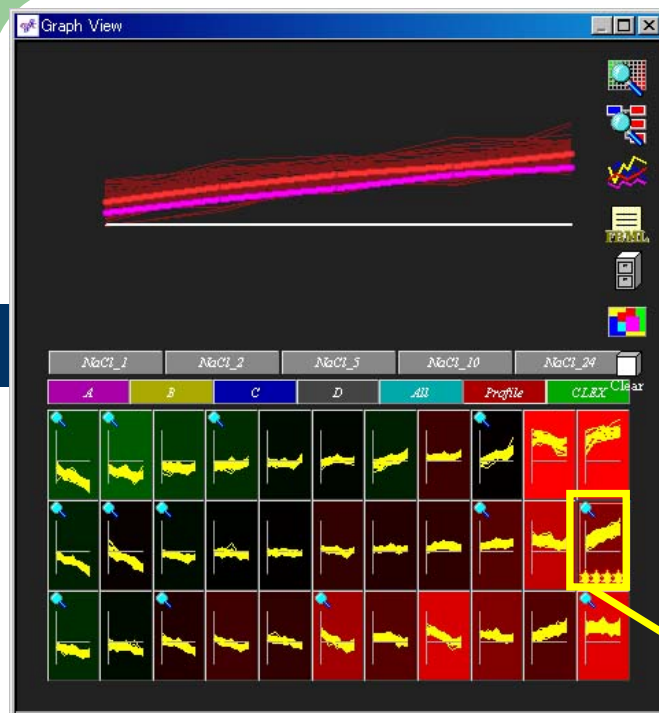
Gene ID	Gene Name	Expression Profile	Pathway
RAF10-16-C1	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-14-C19	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-15-25	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-17-25	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-14-C18	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-14-C16	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-14-C17	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-14-L11	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-15-H11	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-15-C12	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-10-C15	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-15-H17	phosphoribulokinase precursor	High expression	Carbon fixation
RAF10-09-C19	ribulose biphosphate carbonase small chain 2b precursor (RuBisCO small subunit 2b) (gspP10795)	High expression	Carbon fixation
RAF10-12-M09	fructose-biphosphate aldolase, putative	High expression	Carbon fixation
RAF10-07-32	ribulose biphosphate carbonase small unit-related putative + ribulose biphosphate carbonase, small unit	High expression	Carbon fixation
RAF10-07-23	phosphoribulokinase-related	High expression	Carbon fixation



KEGG type metabolic pathwayを用いた塩ストレスで発現が減少する遺伝子群と相関があるパスウェイの検出

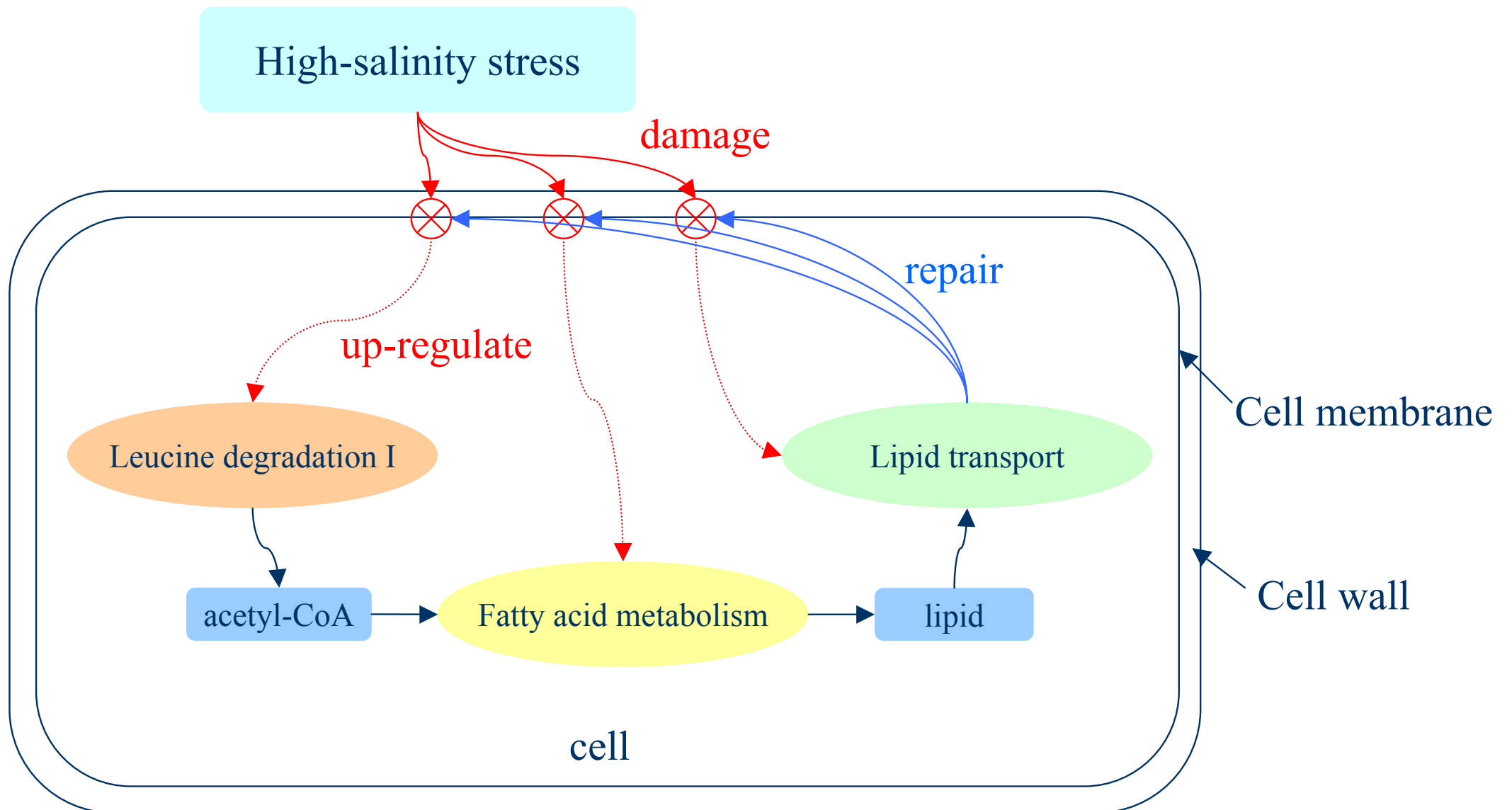
左上: Gene SpiralにおけるアレイデータのSOMクラスタリング表示。中央上: Gene Spiralにおいてcarbon fixationを表示させた物。下図: 左上SOMクラスタの黄色枠で選択した部分でのパスウェイランキング結果。Carbon fixationがトップにランキングされている。中段右: SOMクラスタとパスウェイに共通するプローブ詳細データ。





AraCyc type metabolic pathwayを用いた塩ストレスで発現が上昇する遺伝子群と相関があるパスウェイの検出  
 左上: GeneSpiralにおけるアレイデータのSOMクラスタリング表示。右上: GeneSpiralにおいてleucine degradation Iを表示させた物  
 下図: 左上SOMクラスタの黄色枠で選択した部分でのパスウェイランキング結果。Leucine degradation Iがトップにランキングされている。

# ライブラリとGSCopeによるアレイデータ解析から導き出された塩ストレス下における膜ダメージとLeucine degradation Iとの関連性のモデル



## 参考文献

### 代謝経路全体に関する文献(全体マップがあるもの)

1. Biochemical pathway  
ed. by G. Michal Spektrum 1999.
2. 細胞機能と代謝マップ I.細胞の代謝・物質の動態  
日本生化学会編 東京化学同人刊 1997年
3. 一目でわかる代謝  
J. G. Salway著 麻生芳郎訳  
メディカルサイエンスインターナショナル(MEDSi)刊 1994年

### バイオインフォマティクス系文献

1. 応用生命化学シリーズ9:バイオインフォマティクス  
美宅成樹・榊佳之編 東京化学同人刊 2003年
2. 東京大学バイオインフォマティクス集中講義  
高木利久監修 羊土社刊 2004年

### その他

1. メタボローム研究の最前線  
富田勝・西岡孝明編 シュプリングァーフェラーク東京刊 2003年