1R1615

Orthologous 遺伝子位置に基づくゲノム構造の巨視的比較-II 極値分布による類似性評価と web site の構築

○森 健太郎¹、福地 佐斗志²、西川 建²、堀本 勝久³ (¹JPRS、²遺伝研、³佐賀医大)

近年、環状ゲノムの全体構造を比較するための指標として、環状データの相関係数に基づいた遺伝子位置距離を提案した。この指標は、二つの環状ゲノムにおいて隣接する遺伝子に加え、離れて存在する遺伝子間の相対的な位置関係を評価することができる。また、この指標が最小値を示す方向に環状ゲノムを回転すると、二つのゲノム間ですべての関連遺伝子ペアが最も類似した配置を実現するという特徴がある。この指標を 19 の細菌ゲノムについて、その orthologous 遺伝子の位置関係に適用したところ、一見ランダムな位置にコードされているようにみえる orthologous 遺伝子について、正規分布による遺伝子位置距離の類似性評価をおこなったところ、統計的に有意に類似な相対的位置に存在する遺伝子群が存在する、という結果が得られた (Horimoto *et al.* *Bioinformatics*, 17, 791-802, 2001)。本年は、類似性の統計的評価を、極値分布による評価法に改良した。この方法は遺伝子位置距離の分布にあてはまる極値分布の確率密度関数を推定することで、正規分布による方法に比べより厳密な類似性の評価を可能にする。改良された方法を、COG データベースの 46 細菌ゲノムの orthologous 遺伝子位置データについて適用し、類似な相対的位置に存在する遺伝子群の存在を検証した。さらに、46 ゲノム間の類似性を極値分布によって算出された確率に基づいて推定した。また、改良した評価法を実装した環状ゲノムの遺伝子位置距離に関する web サイトを構築した。評価を行うゲノム群の orthologous 遺伝子の位置データを入力することで、それぞれのゲノム間における最類似配置に併せて、orthologous 遺伝子ごとの遺伝子位置距離、その分布、及び極値分布に基づいた類似性確率などを得ることができる。

K.Mori, S.Fukuchi, K.Nishikawa and K.Horimoto : Genome comparison based on gene locations - II Application of extreme value distribution to genome comparison

1R1645

コケ生物種群に見る分類学的距離——「表現型」距離と「遺伝子型」距離

○幸塚 麻里子、Mohammed Naimuddin、斉藤 あゆむ、西垣 功一 (埼玉大・工)

遺伝子型による種の同定は微生物などの表現型の乏しい生物にはとりわけ有効である。このような方法論が確立すれば、広く微生物生態系を調べる重要な手段となる。

我々の研究室では、これまで遺伝子型による種の同定方式として 'On-web GP' と称する方法を提唱・実践してきた。これはインターネット上に構築したデータベースサイトに未知試料のゲノムプロフィール (GP) を登録するだけで判定結果が返されるシステムである。これまでの研究から、ゲノム同士の近疎性を表す *genome distance* (ゲノム距離) を導入し、表現型による系統関係に矛盾しない結果を得て、GP 法による進化系統樹作成の可能性を実証してきた。今回、生物分類単位目レベルで区別される生物種について遺伝子型による距離の測定を行い、「表現型」距離との関係を調べた。このために、実験材料としてマゴケ亜綱 (*Bryidae*) に属するコケを用いた。目レベルで分類の異なる 6 種のコケについて行った GP の結果から興味深い事実として、全てのコケに共通する多くの CCGF (共通保存遺伝子断片) が確認された。これは「遺伝子型」での距離の近さを示すこととなり、表現型と遺伝子型での分類単位の粗さの差を示している可能性がある。コケは、この問題を扱う最適な生物群の 1 つと考えられる。現在、他の生物群 (哺乳類など) についても同様な観点から調査中であり、併せて発表する。

M.Kouduka, M.Naimuddin, A.Saito, K.Nishigaki : Taxonomic distance between identities belonging to moss classis: *phenotypic* or *genotypic*

1R1630

古細菌ゲノム配列の比較で明らかになった遺伝子集団の変遷

○峯崎 善章¹、天野 直己^{1,2}、鈴木 理¹ (¹産総研・DNA 情報、²筑波大・医)

Thermoplasma 属古細菌 2 種 (*T. volcanium* と *T. acidophilum*)、*Pyrococcus* 属古細菌 2 種 (*P. sp.* OT3 と *P. abyssi*) の近縁種の比較から、お互いが持っていない遺伝子はゲノム当たり平均 197 個であることがわかった。この遺伝子集団はゲノム A と B が分化後、A (又は B) に外部から流入したか、B (又は A) から削除されたか、A (又は B) で新たに生れたかのどれかである。197 個を詳細に調べると、20 個は他の複数の古細菌で見つかることから、分岐後 B から削除された可能性が高い。167 個はゲノム中で局在しているか、A/T 含量が平均より大きく離れているので、外部から流入した可能性が高い。残りの 10 個は他の古細菌で見つからず、外来遺伝子の特徴を示さなかったため、内部で新たに生れた遺伝子の可能性が高い。ここまでの合計すると 157 個の増加と計算されるが、これは全ゲノムの一割に相当し古細菌ゲノムが 2 億年 (分岐年代より計算) ごとに 10 % という急激な速さで増加したとは考えにくい。157 個が流出したと考えられる。流入が 167 個で流出が 157 個だとすると、差の 10 個がゲノム内に取り込まれたことになる。かなりの遺伝子が外から流入していることがわかったのでその「乗り物」について調べたところ、25% はファージ、17% は我々が BME と名付けた新しい構造体、残り 50% 以上は不明であった。ファージ由来と考えられる多くの IS (Insertion Sequence) エlement がファージ内部に、またゲノムの他の部分に同定された。

Y.Minezaki, N.Amano, M.Suzuki : A change between sets of genes as revealed by comparison of archaeal genomic sequence