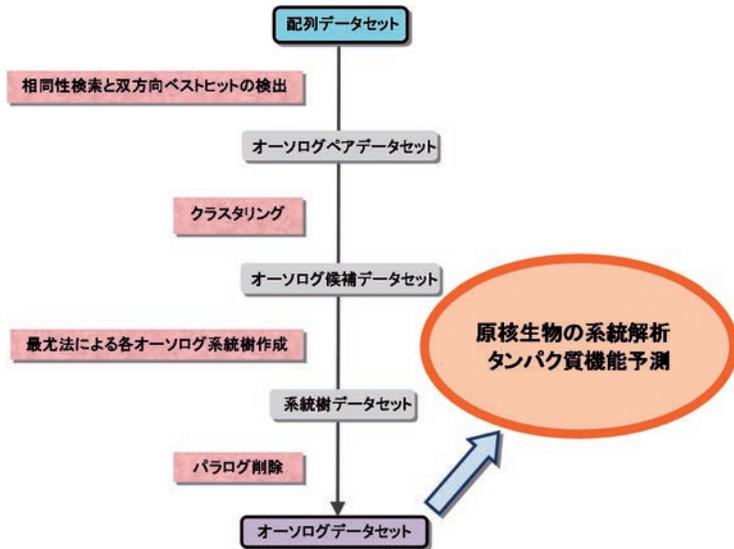


# 大量遺伝子配列データを用いた オーソログデータセット作成法の開発

Keyword: オーソログデータセット、系統解析、機能推定、バイオインフォマティクス

昨今、遺伝子配列決定技術が向上し、全ゲノムデータ解読をはじめ、メタボローム、プロテオーム解析などが盛んに行われるようになった。これまで少数の遺伝子配列を用いて行われてきた生物の系統解析に対しても大量の遺伝子を用いた試みがなされるようになってきたが、その方法はまだ十分確立していない。本研究では全ゲノムデータが公開されている生物を対象とし、その遺伝子配列データを用いてオーソログデータセットを作成することを目的としている。まず、それぞれの生物の配列データセット間でもっとも類似性スコアの高い配列ペアを検出し、グループ化することでオーソログ候補データセットを作成する。次にそれらのオーソログ候補について系統樹を作成する。樹形をプログラムで解析し、単系統、多系統のデータをもとにパラログ遺伝子を判別する。この時判別されたパラログデータは削除され、最終的にオーソログデータセットが得られる。作業の概要は次の図に示す。

本研究の概念図



研究の概要

ラバ  
バイオ  
サイエ  
ンス

## ・特筆すべき研究ポイント:

作成した系統樹の樹形からパラログの有無を判断し、除去すること。

## ・新規研究要素:

系統樹の情報を用いた方法はこれまでに前例が無い。

## ・従来技術との差別化要素・優位性:

系統樹情報を利用することで従来法よりパラログを含む可能性が低くなり、データの利用価値が高まる。具体的には精度の高いオーソログデータを検出することにより、これまで解析困難だった生物について系統解析することが出来るようになる。また、これまでに系統解析されてきた生物群についても再度信頼性の高い系統関係を示すことができる。

一方、タンパク質機能推定の信頼性もより高まる。

## ・特許等出願状況: なし。

アピールポイント

## ■ 技術相談に応じられる関連分野

- ・ バイオ情報解析
- ・ 系統解析

## ■ その他の研究紹介

- ・ 分岐点支持率を基にした新規系統樹作成法の開発
- ・ マウスDMR (Differentially methylated region) の特徴の検出
- ・ 大量オーソログを用いた全原核生物門の系統解析
- ・ オーソログの数を基にした系統樹解析による真核生物解明の起源解明
- ・ Homology-Hit法を用いた真核生物解明の起源解明
- ・ 脊椎動物ゲノムのアイソコア構造と体温の関係



堀池 徳祐

大学院農学領域  
共生バイオサイエンス系列  
准教授