

遺伝子発見技術による ゲノム解析

● 研究の目的

産業技術総合研究所・生命情報科学研究センターでは、大規模ゲノム配列から遺伝子領域を発見し機能予測する技術の研究開発と、さらにこれらを用いてヒトゲノムや有用微生物の遺伝子を網羅的に発見することを目指しています。

● 研究の成果

ヒトゲノムの塩基配列も明らかになり、配列の多様性と生命現象の関係を解明するための研究が注目されています。様々な生物種で決定されるゲノム塩基配列は増え続けており、自動的な遺伝子発見の重要性が増大しています。そこで、産総研・生命情報科学研究センターは下記のようなプログラムやシステムを開発し、それを応用した研究を行っています。

[1] ALN⁽¹⁾とGeneDecoder⁽²⁾

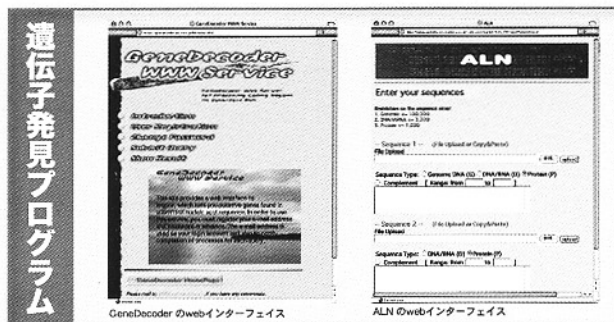
ゲノム配列から遺伝子部分を予測するシステム。ALNは主に既知遺伝子との類似性をもとに遺伝子の正確な位置を予測するソフトウェアで、ヒトゲノムの遺伝子発見に用いられています。GeneDecoderはゲノム配列の統計情報とcDNAのゲノムへの貼り付け結果などを統合して遺伝子を予測するソフトウェアで、麹菌ゲノムの解析などに用いられました。

[2] SEVENS⁽³⁾

GPCR遺伝子の網羅的データベース。GPCR(Gタンパク質共役型受容体)は創薬に大きく関わる重要な受容体ファミリーで、現存する医薬品の約半数がそのターゲットとしています。[1]のシステムを応用し、ヒトゲノムからGPCR遺伝子を網羅的に探索したデータベースSEVENSを作成しました。

[3] 麹菌ゲノム解析

麹菌は我が国の伝統的発酵産業である清酒・味噌・醤油の製造に1000年以上の長期にわたって利用されてきた糸状菌であり、産業上もっとも重要な微生物のひとつです。[1]のシステムを応用し、麹菌ゲノムから遺伝子の発見と網羅的な遺伝子アノテーションを実施しました。

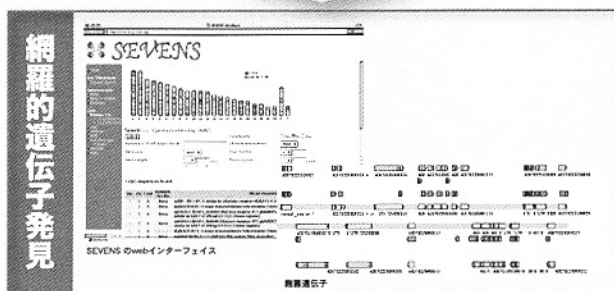


遺伝子発見プログラム

GeneDecoderのwebインターフェイス

ALNのwebインターフェイス

応用



網羅的遺伝子発見

SEVENSのwebインターフェイス

詳しくは <http://www.cbrc.jp/>

● 参考文献

- (1) 後藤修, 配列のホモロジーと統計情報を併用した真核生物遺伝子構造の予測, 統計数理 50 (1), 3-15 (2002).
- (2) Asai, K., Itoh, K., Ueno, Y., Yada, T.: Recognition of human genes by stochastic parsing, Pac. Symp. Biocomput., 228-239 (1998).
- (3) Suwa, M., Sato, T., Okouchi, I., Arita, M., Matsumoto, S., Tsutsumi, S., Aburatani, H., Asai, K., Akiyama, Y.: SEVENS, Nucleic Acid Research, 31, 1 Online summary paper (2003). (<http://www3.oup.co.uk/nar/database/summary/373>)