

# 比較ゲノム解析受託サービス

近年多くのゲノム塩基配列が公開され、種の系統関係や近縁関係を指標に、ゲノムの機能や構造の比較解析を行い、生命機能の共通性や特殊性を発見する解析方法が注目されています。

タカラバイオでは、比較ゲノム解析について、バイオインフォマティクスに精通した技術者がお客様のプロジェクトに沿った受託サービスをご提案いたします。また、お預かりした情報や解析過程でのデータは in house で取り扱います。得られた結果はユーザーフレンドリーなビューソフトウェアとともに納品いたします。

また目的のゲノムについて、ドラフトシーケンス取得から比較解析までのトータルサービスも承っています。

## 比較ゲノム解析について

ゲノム配列の比較は、目的に応じて大きく以下のように分けることができます。

- (1) 配列の推定やゲノム進化の解明には
  - a. ゲノム塩基配列の比較
  - b. ゲノム上における遺伝子の並びの比較
- (2) 遺伝子の機能の解明には
  - a. 遺伝子のアミノ酸配列の比較
  - b. 全遺伝子セットから推測した代謝経路の比較
  - c. 全遺伝子セットの機能分類結果の比較

実際には、これらの解析は変異株や近縁種の遺伝子機能を効率よく推測する方法として非常に適しています。そのため、解析したい生物種や変異株のゲノム配列が公開されていなくても、近縁種や標準株のゲノム配列さえ公開されていれば、解析対象の生物種や変異株のドラフト解析(ホールゲノムショットガン法<sup>\*1</sup>を利用)を行うことで、新規の比較ゲノム解析が可能となります。

\*1: BIO VIEW No.48 参照

表 比較の目的に応じた比較解析の内容と方法

目的	解析内容	解析方法
(1) 配列の推定やゲノム進化の解明	a. ゲノム塩基配列の比較	ドットプロット解析
	b. ゲノム上における遺伝子の並びの比較	シンテニー解析
(2) 遺伝子の機能の解明	a. 遺伝子のアミノ酸配列の比較	相同性ホモロジー解析
	b. 全遺伝子を代謝経路に対応付けした結果の比較	代謝経路解析
	c. 全遺伝子を機能分類した結果の比較	機能分類解析

## 解析例

大腸菌 *E. coli* K12 株と *E. coli* O157 株での解析結果をビューソフトウェア上での表示例を用いて示しながら、比較ゲノム解析についての詳細を説明します。

### (1) ゲノム構造の比較

#### a. ゲノム塩基配列の比較

例えば数 kb 単位の断片でゲノム塩基配列を配列比較(ドットプロット解析)することにより、数百 kb 単位のゲノムの組換えや反復配列の有無を検出できます。

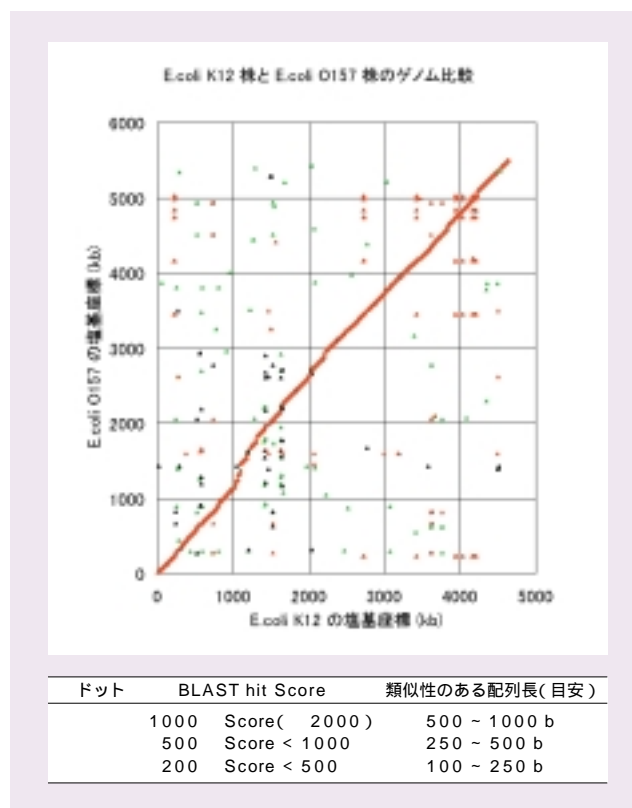


図1 *E. coli* K12 株と *E. coli* O157 株のゲノム塩基配列の比較

b. ゲノム上における遺伝子の並びの比較  
 各ゲノム上における遺伝子について、配列類似性により同定した相同遺伝子を線で結ぶことで、遺伝子の並びを視覚的に確認できます(シンテニー解析)。



図2 ゲノム上における遺伝子の並びの比較

(2) 遺伝子の機能の比較

a. 遺伝子のアミノ酸配列の比較

BLASTによる相同性検索を行うことで相同遺伝子の有無、配列の類似度を網羅的に解析できます。

図3において、“BLAST Identity(%)”が低い値の遺伝子は、類似配列の遺伝子が存在していないことを示しています。

Query ID	E. coli O157	E. coli K12	BLAST	BLAST	BLAST	PROTEIN OF TOP ANALOG
Gene ID	BLAST Hit Gene ID	Length	Score	Ident	Identity (%)	
1	NEC02094.1	217	210.214	100	100	2-oxoglutarate-dependent
2	NEC02094.1	402	1740	100	100	transcription factor
3	NEC02094.1	323	141	1,300-141	100	transcription factor
4	NEC02094.1	323	141	1,300-141	100	transcription factor
5	NEC02094.1	38	220	1,000-141	100	transcription factor
6	NEC02094.1	202	117	1,300-141	100	transcription factor
7	NEC02094.1	276	246	1,300-141	100	transcription factor
8	NEC02094.1	276	246	1,300-141	100	transcription factor
9	NEC02094.1	276	246	1,300-141	100	transcription factor
10	NEC02094.1	145	284	1,300-141	100	transcription factor
11	NEC02094.1	145	284	1,300-141	100	transcription factor
12	NEC02094.1	145	284	1,300-141	100	transcription factor
13	NEC02094.1	145	284	1,300-141	100	transcription factor
14	NEC02094.1	145	284	1,300-141	100	transcription factor
15	NEC02094.1	145	284	1,300-141	100	transcription factor
16	NEC02094.1	145	284	1,300-141	100	transcription factor
17	NEC02094.1	145	284	1,300-141	100	transcription factor
18	NEC02094.1	145	284	1,300-141	100	transcription factor
19	NEC02094.1	145	284	1,300-141	100	transcription factor
20	NEC02094.1	145	284	1,300-141	100	transcription factor

図3 遺伝子のアミノ酸配列の比較

b. 全遺伝子セットから推測した代謝経路の比較

EC(Enzyme Commission)number\*2をベースとした代謝経路データベースに、全遺伝子セットを対応付けます。対応付けられた遺伝子は、代謝経路ごとにマップ上に色付きで表示されるため、効率よく代謝経路上の遺伝子の有無(正確には類似配列を持つ酵素遺伝子の有無)を確認できます。また2種類以上のゲノムについて遺伝子の有無を比較する場合には、代謝マップ上で共通遺伝子、ユニーク遺伝子を視覚的に確認できるように色付けをしています。

なお、代謝経路データベースとしてKEGG(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)PATHWAY

(<http://www.genome.ad.jp/kegg/pathway.html>)を利用する予定です。

\*2: 代謝経路ごとに各酵素に割当てられた世界共通のID

c. 全遺伝子の機能分類結果の比較

NCBI COG(Cluster of Ortholog Groups)を用いて解析対象ゲノムの遺伝子セットを機能カテゴリーごとに分類します。各機能に分類される遺伝子の割合を比較することで、各ゲノムの特徴をゲノムレベルで考察できます。

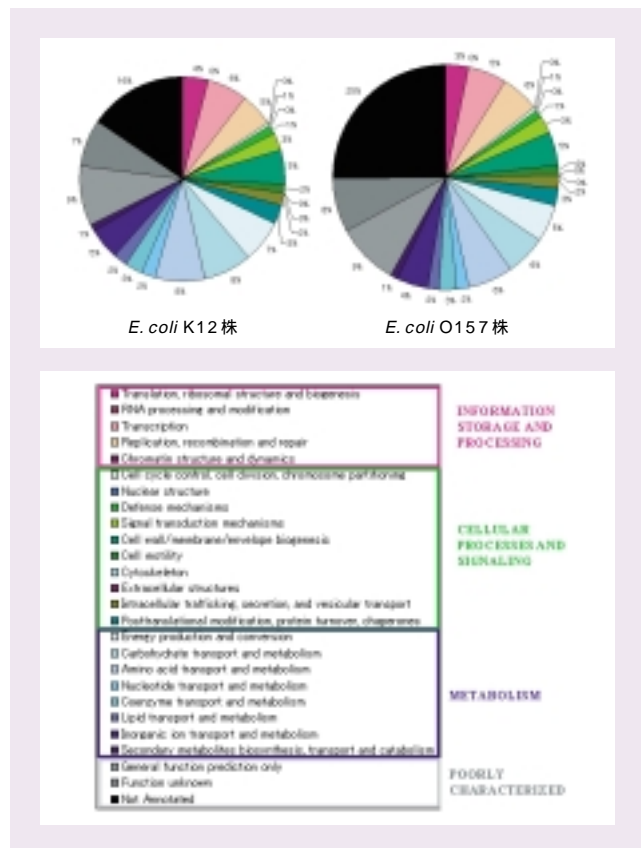


図4 全遺伝子の機能分類結果の比較

まとめ

このようにタカラバイオでは、微生物ゲノム解析における最新の技術に基づき、さまざまな視点からの比較ゲノム解析を受託サービスとしてご提供しています。

なお本サービスでは、お客様の意向をお聞きした上で、解析内容をご提示いたします。詳細につきましては下記までお問い合わせください。

【お問い合わせ先】

タカラバイオ(株)  
 ドラゴンジェノミクスセンター  
 TEL: 0593-29-8560 FAX: 0593-29-8556