

ゲノム情報研究室

内 山 郁 夫

ゲノム情報研究室は、2004 年度に行われた改組にともない、電子計算機室担当教官である内山が研究活動を行う拠点として設置された。電子計算機室の設備とデータベースとを駆使したゲノム情報解析研究を行っており、特に現在は、急速な蓄積を続ける微生物ゲノムデータの比較解析を通じて、ゲノムの機能や進化機構を解明することを目指した研究を行っている。

この目的のため、数百におよぶ公開された微生物ゲノム情報を集め、各ゲノムに含まれる遺伝子間の総当たりのホモロジー検索結果を蓄積した、比較解析のための微生物ゲノムデータベース、MBGD を構築し、公開している。このデータベースには、これらのデータを用いてゲノム間のオーソログ対応関係をつける機能が含まれており、この対応を基にして様々な比較ゲノム解析を行うことができる。これを実現するため、大規模なオーソログの対応付けを効率よく行うアルゴリズムの開発に特に力を入れてきた。開発したプログラム、DomClust は、数百のゲノムを同時に比較し、それらの間で「ドメイン融合」のような複雑な対応関係がある場合も含め、自動的にオーソログの対応付けを行うことができる。並行して、近年蓄積しつつある、ごく近縁のゲノムデータの詳細な比較によって、ゲノムの進化過程を推定することにも関心を持ってきた。その際、繰り返し構造などの、各ゲノム上の特徴配列の分布を、ゲノムアライメントに沿って並べて比較する方法が有効であることに着目して、ゲノム比較ツール CGAT を開発し、いくつかのゲノム比較研究に応用してきた。

今後は、これらの基礎的手法やデータベースを活用しつつ、微生物ゲノムの多様性の実体と、それを生み出す原動力の解明に向けた、より具体的な取り組みを進めていきたいと考えている。

参考論文

1. Uchiyama, I., Higuchi, T., Kobayashi, I. (2006) CGAT: a comparative genome analysis tool for visualizing alignments in the analysis of complex evolutionary changes between closely related genomes. *BMC Bioinformatics* 7, 472.
2. Uchiyama, I. (2006) Hierarchical clustering algorithm for comprehensive orthologous-domain classification in multiple genomes. *Nucleic Acids Res.* 34, 647-658.
3. Uchiyama, I. (2003) MBGD: Microbial genome database for comparative analysis. *Nucleic Acids Res.* 31, 58-62.