

原核生物における種多様性情報：プロテオーム解析の導入

国立環境研究所 渡辺 信、清水 英幸、鶴若 恵二、森谷 幸満、宮崎 賢司

理化学研究所 志村 純子

東京理科大学生命科学研究室内JIPIDタンパクデータバンク 次田 皓

生物の進化の過程では、遺伝子が子孫に受け継がれながら、塩基の置換、塩基の挿入、塩基の欠失、遺伝子重複、不等交叉、遺伝子転移などの、突然変異を生じて遺伝子配列が変化していく。このような突然変異は、子孫DNAの中に蓄積され、生物種の遺伝子を比較することによって、その遺伝子の進化の道筋を推定することが可能とされている。

しかしながら、種の系統関係は、1種類の遺伝子配列を複数の生物種から集め、その配列をコンピュータソフトを用いて自動的にアラインメントさせた後、系統樹を描かせただけでは、対象とした遺伝子によって、違った系統関係が得られることがある。また、形態学的・生理学的・生化学的性状から構築された類縁関係とは不一致な系統樹が作成されることがある。このことは、種の系統関係を議論するために、1種類の遺伝子配列では情報が不足していることを示唆している。

そこで、このような不一致を示す分類群について、1種類の遺伝子配列だけでなく、発現している全たんぱく質のプロテオーム解析を行い、系統樹にマップする作業を支援するためのソフトウェアを開発し、ネットワーク上から実験者が簡便なインターフェースを介して利用できるシステムを構築した。このシステムを用いて現在、*Oscillatoria agadii*, *Microcystis aeruginosa*, *Anabena sp.*などのシアノバクテリア種について、解析データを蓄積中である。これにより、塩基配列情報から得られた結果と不一致な形質発現に関与している可能性のある分子、すなわち、分類学マーカーの候補となるたんぱく質を検出し、新しい系統関係をさぐっている。また、原核生物の種情報を細菌・古細菌・シアノバクテリアについて約9000件整理し、統合化データベースとして公開準備をすすめた。



