

極限環境適応における微生物ゲノムの生命情報学

阿部貴志¹、馬場知哉²、池村淑道³、仁木宏典⁴

¹新潟大学, ²情報・システム研究機構／新領域融合研究センター

³長浜バイオ大学, ⁴国立遺伝学研究所

Bioinformatics Studies of Microorganism Genomes for Extreme Environmental Adaptations

Takashi ABE¹, Tomoya BABA², Toshimichi IKEMURA³ and Hironori NIKI⁴

¹Niigata University, ²Research Organization of Information and Systems / Transdisciplinary Research Integration Center

³Nagahama Institute of Bio-Science and Technology, ⁴National Institute of Genetics

Organisms have been adapted to variable environment with species differentiations by their biological evolutions on the Earth. The biological evolutions are almost same meaning of their genomic information changes. For that reason, it would be one of most important issues for understanding of biological evolutions by applying bioinformatics studies to current enormous genomic sequence data of many species. We previously developed a BLSOM (Batch-Learning Self-Organizing Map) for oligonucleotide frequencies, which can classify genomic sequence fragments according to species without information concerning species, and BLSOM has been used in many genome studies {1}. Many of microorganisms have been reported as “extremophiles” which could live in extreme environment, for example of high or low temperature, high salt concentration condition, acidic condition and so on. It would be considerable that they had obtained some of their living environmental specific features reflecting amino acid comparison changes on the functional genes, especially protein-coding ones, however, it is remaining unclear on the genomic-levels. We were focusing to archaea, known as typical extremophiles, and selected genomic data of 129 species as a reference data set from the database on which more than 150 strains of archaea genomes are available. We applied BLSOM analysis to the data set and found the features that archaea of living in high temperature or high salt concentration conditions show specific amino acid comparison changes. It is also suggesting that BLSOM analysis is available to detect horizontally gene transfer (HGT) regions from species specific ones on the genomes {2}. We are trying to apply BLSOM analysis to detect HGT regions on polar bacteria genomes. We will discuss our bioinformatics studies to take a comprehensive and panoramic view of the genome structure for their environmental adaptations.

地球上の生物はその進化の過程で種分化を伴いながら様々な環境に適応していったと考えられている。生物の進化とゲノム情報の変化は不可分の関係にあり、多くの生物種でゲノム配列情報が解読された今日、情報学的な側面からの生物進化の理解は重要な課題である。我々は連続塩基組成のみに着目してゲノム配列断片を生物種ごとに高精度にクラスタリングできる一括学習型自己組織化マップ (BLSOM) を開発し、様々なゲノム科学の分野に適用してきた {1}。微生物の中には高温、低温、高塩濃度、酸性条件などの極限環境に生息する“極限微生物”が多く報告され、こうした環境に適応するための戦略として、ゲノム上にコードされている機能性遺伝子、特にタンパク質構造遺伝子に、各環境への適応に必要な機能獲得に特有のアミノ酸組成変化があることが考えられるが、その詳細は未解明である。我々は極限微生物の代表例である古細菌に注目し、情報が公開されている 150 株を超える古細菌ゲノムから代表的な 129 種のゲノム・データを選抜し、アミノ酸組成およびコドン組成に基づき BLSOM 解析を試みた。その結果、高温や高塩濃度といった極限環境に生息する古細菌のゲノム上には特有のアミノ酸が選択される傾向があることが見出された。また、BLSOM 解析はゲノム上における各生物種の固有の遺伝子領域と水平伝播などにより獲得された外来性の遺伝子領域の判別にも有効なことが示唆されており {2}、極域に生息する微生物のゲノム上の遺伝子領域の水平伝播の特性に関しても解明を試みている。本発表では、それぞれの生物種において環境適応に関わるゲノム構造を俯瞰的に把握するための生命情報学について議論を行いたい。

References

1. Takashi Abe, Shigehiko Kanaya, Makoto Kinouchi, Yuta Ichiba, Tokio Kozuki and Toshimichi Ikemura, Informatics for unveiling hidden genome signatures, *Genome Research*, **13**, 693-702, 2003.
2. Tomoyuki Kosaka, Souichiro Kato, Takefumi Shimoyama, Shunichi Ishii, Takashi Abe and Kazuya Watanabe, The genome of *Pelotomaculum thermopropionicum* reveals niche-associated evolution in anaerobic microbiota, *Genome Research*, **18**, 442-448, 2008.