



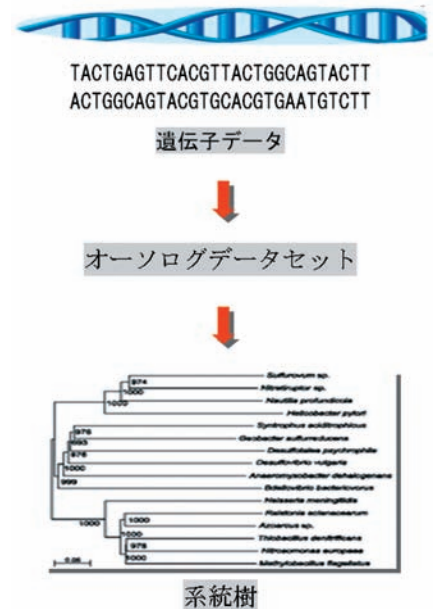
# “大量遺伝子情報を用いた系統解析法の開発”

特任助教 堀池 徳祐 (バイオサイエンス)

1972年生まれ、2002年群馬大学大学院博士課程修了、2003年群馬大学博士研究員、2004年日本学術振興会特別研究員PD(国立遺伝学研究所、University of Cincinnati)、2007年国立遺伝学研究所特任研究員、2008年静岡大学特若手グローバル研究リーダー育成拠点任助教(テニュア・トラック)

## 研究概要

「大量オーソログデータセット作成法および系統解析法の開発」  
オーソログとは種分岐によって生じた遺伝子群、またはタンパク質群の事で、種の系統解析によく用いられます。しかし進化の過程で遺伝子重複(コピー)や他生物間での遺伝子水平移行が起こったり、種間の分岐年代が非常に古い場合には正しい系統樹が導けない事もしばしばあります。初期の細菌進化の系統関係などの遠縁の生物間では上記の条件が重なっている可能性が高いため、一つのオーソログのみで解析しても正確な系統樹は期待できません。そこで、多数のオーソログを用いた系統解析法が開発されました。以前の我々の研究では系統解析に使用できるオーソログデータセットを作成しましたが、手作業が必要だった為、非常に時間と手間がかかっていました。そこで本研究では新たな方法を取り入れつつ、それらの作業を自動化することを目標にしています。また、大規模データを活かした系統解析法を開発を行っています。



## メッセージ

私が専門とする分子進化学は、現在生息する生物の様々な分子情報(DNA塩基配列など)を用いて生命進化の系譜や現象を解明する学門です。形態比較を基にした従来の進化学では解析不可能な生物群についても対象にすることが出来ます。例えば、細菌や真核生物の初期の進化過程は化石情報も乏しく、形態比較によって系統を予測することも困難ですが、分子情報を用いることにより系統関係を推定できます。また、ゲノム上に残された痕跡からどのような現象がどのように生物の進化、あるいは多様化に影響を及ぼしてきたか知ることが出来ます。ゲノムや遺伝子に関する情報は日々増加し、これまで対象になり得なかった生物群においても解析できるようになってきました。今後も新規な解析法を開発し、進化上の謎の解明に取り組んでいきたいと思えます。

## 【主な研究業績】

外部資金：文科省科学研究費補助金若手研究B「系統解析用オーソログデータセット作成システムの開発」(2010~2011)

### 主要論文：

- 1) Horiike T, Miyata D, Hamada K, Saruhashi S, Shinozawa T, Kumar S, Chakraborty R, Komiyama T and Tateno Y, Phylogenetic construction of 17 bacterial phyla by new method and carefully selected orthologs. *Gene*. 429:59-64, 2009
- 2) Horiike T, Hamada K, Miyata D, Shinozawa T, The origin of eukaryotes is suggested as the symbiosis of pyrococcus into  $\gamma$ -proteobacteria by phylogenetic tree based on gene content. *Journal of Molecular Evolution*. 59, 5, 606-619, 2004

- 3) Horiike T, Hamada K, Kanaya S, Shinozawa T, Origin of eukaryotic cell nuclei by symbiosis of Archaea in Bacteria is revealed by homology-hit analysis. *Nature Cell Biology*, 3, 2, 210-214, 2001