

# 講演要旨集補遺

講演要旨集の追加・プログラムの修正・ポスター発表日の変更・共同発表者の追加

## 講演要旨の追加

### [ 2B3 ] バイオインフォマティクスからのゲノム機能 進化の解析

#### ゲノムデータベースに基づく比較ゲノム解析

内山郁夫 (基礎生物学研究所)

多様なゲノム配列が蓄積しつつある現在、比較ゲノム解析はゲノムの機能や進化を考える上で重要なアプローチとなっている。比較ゲノム解析には遺伝子構成の比較、ゲノム構造の比較、個々の遺伝子構造の比較など、いくつかの視点があり得るが、いずれにしてもまずオーソログの対応付けを行うことが不可欠である。ゲノム間のオーソログ対応付けには、これまでホモロジー検索のベストヒットに基づく方法がよく用いられてきたが、多数のゲノムを同時に対応づけるには多くの問題を抱えている。これを克服するため、人手で修正を加えた分類データベースが作成され、広く用いられているが、決定されたゲノム数が数百種類へと拡大していく中で、このようなアプローチにも限界があると考えられる。発表者は、これまで、大量のゲノムデータから自動的にオーソログ分類を構築する効率的な手法の開発に取り組んできているので、紹介したい。

#### ゲノムデータベースに基づくパスウェイ解析

五斗 進 (京都大学化学研究所 バイオインフォマティクスセンター)

現在、様々な生物種でゲノム解析が進行しているがゲノム決定後の機能予測が正確にできているかどうかを判断する手段の一つとしてパスウェイデータベースを利用することがある。各遺伝子の機能をアノテーションした後そのアノテーションに基づいてパスウェイ(特に代謝系)の再構築を行うのである。さらに、最近ではパスウェイの進化を議論する方法として様々な情報をパスウェイ上にマッピングしてその分布を調べるという方法も取られる。本発表では、我々が開発している KEGG/PATHWAY においてゲノムデータをもとにパスウェイ解析を行う方法を紹介し、ゲノムデータからのパスウェイ再構築や系統プロファイルに基づくパスウェイ解析に応用した例について紹介する。

### [ 2C3 ] 分化 死の起源

Death Process of Bacteria in the Ocean.

Kazuhiro Kogure (Ocean Research Institute, The University of Tokyo)

海洋での細菌の死滅プロセス

木暮一啓 (東京大学海洋研究所)

The goal of marine microbiology is to clarify ecological roles of each bacterial species in the ocean. This requires methods to detect single cell at minute scale of space and time. However, our current methods do not have enough precision for this purpose. In addition, there is no suitable method to estimate the death rate of natural populations. Therefore, we usually assume that bacterial growth is balanced with the death. As a result, there is no any extensive study of the distribution, growth and death of particular bacterial species.

We recently clarified that *Pseudomonas aeruginosa* is distributed in Tokyo Bay and also that their outer membrane channel protein, porin is present in the seawater as dissolved components. The PFGE analysis indicates that the cells in the bay are different from clinical isolates and are lacking resistance to various antibiotics, suggesting the presence of a population unique to marine environments. We assume that most of cells of *P. aeruginosa* originated from freshwater or terrestrial environments may die upon entering the bay, due to viral infection or ingestion by heterotrophic nanoflagellates. The fate of *P. aeruginosa* in the bay will be discussed based on some quantitative approach.

### [ 2B4 ] Studies of evolution and diversity in post-sequence epoc.

Comparative and functional genomics - evolutionary studies as the backbone of new integrative biology

Takashi Gojobori (National Institute of Genetics)

Under the situation that the human genome sequencing project has been completely finished, the time has changed into the so-called post-genome sequencing era. In the post-genome sequencing, it looks obvious that comparative and functional genomics will become crucial disciplines of immediate interest. For conducting comparative and functional genomics with the maximum efficiency, the philosophical backbone will be

required. In particular, an attempt of understanding all levels of biological hierarchy in a unified way will be made by evoking "data-driven science" as well as "working hypothesis oriented-science." If this attempt can be called as "new integrative biology," organismic diversity and evolution should be the backbone of new integrative biology.

A new direction of human gene studies: the Integrative database of human full-length cDNA clones

Roberto Barrero (Japan Biological Information Research Center)

With the draft sequences of the human, mouse and rat genomes available, the next challenge in the understanding of basic human molecular biology is the difficult task of interpretation of the human genome in terms of various aspects such as structure, function, diversity and evolution of protein-coding genes as well as non-protein coding genes, regulation of gene expression in tissues and states of health, protein-gene and protein-protein interactions. It is also a particular importance to integrate this information in an easily accessible form. The Human Full-Length cDNA Annotation Invitational project (H-Invitational; H-Inv) emerged as an international collaboration project to systematically and functionally validate human genes by analysis of a unique set of high

quality full-length cDNA clones by automatic annotation and human curation under unified criteria. We also created a human gene database, H-Invitational Database (H-InvDB), with integrative annotation of biological, structural, functional and evolutionary information for each human gene. The H-Inv DB represents the largest human gene collection that will promote a variety of studies including comparative and functional genomics.

Medical science in the post-genome era

Yasuyuki Fukumaki (Medical Institute of Bioregulation, Kyushu University)

Medical science in the post-genome era is mainly devoted to identification of genetic contributions to human complex traits of medical interest, such as disease susceptibility and drug response, leading to establishment of personalized medicine and preventive medicine. I will present our efforts at hunting the susceptibility loci for schizophrenia, and discuss the prospects. Such complex traits will be elucidated by combination of

comparative and functional genomics at not only molecular level but also evolutionary level.

Tsukuba BB and other Algorithms for Sequence Motif Discovery: Promise and Limitations.

Paul Horton, Center for Computational Biology

Sequence motif discovery programs promise to automatically find patterns in DNA or protein sequences by examining patterns in some way to optimize a likelihood ratio scoring function. The reality is that the most commonly used heuristic algorithms: EM, MM, Gibb's sampling, and beam search do not provide any guarantee regarding the quality of the pattern they return relative to the pattern with the highest likelihood ratio present in the input sequences. TsukubaBB is an "exhaustive" method which always returns the pattern with the highest likelihood ratio -- but unfortunately is often too slow. We describe recent efforts to 1. speed up TsukubaBB and 2. empirically quantify the quality of patterns returned by heuristic algorithms.

Comparative studies of gene expression for the evolution of a brain

Jung Shan Hwang (Japan Science and Technology Corporation)

Multicellular animals possess various forms of nervous system, it can be as simple as a diffuse nerve net (Cnidaria and Ctenophora) or as complex as a highly organized system consists of brain, spinal cord and peripheral components (mammals). To understand how the nervous system has changed in the course of evolutionary process, we take a comparative approach to study the nervous systems of hydra (Phylum Cnidaria) and planarian (Phylum Platyhelminthes) at gene level. Moreover, despite the anatomical diversity between the central nervous systems of invertebrate and vertebrate, recent molecular studies support that a great deal of conservation lies between the two systems. Here, we examine *in situ* gene expression patterns in planarian by using a set of orthologous genes which are known to be expressed highly in the brain of mouse embryo. We would therefore be able to study the evolutionary relationship of central nervous systems between the invertebrate and vertebrate.

Genetic addiction: a principle of gene symbiosis in a genome

Ichizo Kobayashi (INSTITUTE OF MEDICAL SCIENCE, UNIVERSITY OF TOKYO)

Some genes can program growth arrest or death of cells when they get disturbed or lost. By doing so, these genes force their host cells to maintain them. This process of genetic addiction may represent a general strategy by which genes maintain a cohesive symbiotic community in the form of a genome. A genome may take advantage of this form of growth arrest/death for its survival under various stresses --- infection, starvation and DNA damage. Such deaths involving intra-genomic conflicts may have shaped the evolution of genomes and genetic systems.

## [ 3B2 ] 病原細菌の適応戦略

ゲノム比較からみる病原細菌の適応戦略? Vibrio 属細菌の遺伝子獲得機能?

黒川 顕 (大阪大学 遺伝情報実験センター)

2002年に腸炎ビブリオ(VP)のゲノム全配列を決定し,すでに全配列が決定されているコレラ菌(VC)とゲノムレベルでの比較解析をおこなった.VP,VCともに大小2つの染色体を保有しており,染色体1は両者でほぼ同じ大きさであったが,染色体2はVPの方が約800kbpも大きかった.両者で保存されている遺伝子はその遺伝子座が大きく異なっていることから,進化の過程で大小の染色体間を問わずゲノムレベルでのリアレンジメントが頻繁に繰り返されてきたことが示唆できる.また,染色体1においては両者で多くの遺伝子が保存されているものの,染色体2では種特異的な遺伝子が多数存在していた.これらの結果は,Vibrio属細菌の染色体2が,遺伝子の水平伝播,遺伝子重複,ゲノムレベルのリアレンジメントや遺伝子の急激な減少等により,Vibrio属分化後に急速に多様化したことを示唆している.

## プログラムの修正

{ 2A3 } 進化学一般(1): 最後の3つの演題の順序を下記のように変更します。

中島	岡林	北添	の順番を
岡林	北添	中島	の順に変更。

[ 2D3 ] 種分化の生態学: 次の講演はキャンセルされました。

「アリ植物-アリ-カイガラムシ三者共生系における同時的種分化と適応放散」  
市野隆雄・上田昇平・稲森啓太(信州大・理・生物)・Swee P. Quek (Harvard)

## ポスター発表日の変更：8月2日から3日へ

[ P167 ] 「メダカの性的二型の緯度間変異に与える遺伝および環境の影響について」

滝沢壮治・山平寿智（新潟大学大学院自然科学研究科） [P046] から変更

[ P169 ] カイコ（*Bombyx mori*）で新に確認されたMITE様トランスポゾンOrgandyの特性（講演番号:3G4）

行弘研司、河本夏雄（生物研） [P140] から変更

## 共同発表者の追加

【P-065】

細胞群体の内部における協力進化のモデル化

中山功一（京都大学大学院情報学研究科）、下原勝憲（ATR人間情報科学研究所）、片井修（京都大学大学院情報学研究科）

## 広告の追加

### カイガラムシが熱帯林を救う

渡辺弘之 著



鈴や明太子などの着色や錠剤のコーティング、粘着テープ、顔色料、ニスなどカイガラムシの分泌物は変形を変え、私たちの生活で役立っている。安定した供給・消費によって熱帯林の保護・再生をうたえる。熱帯林保護に関心のある読者にお勧めの環境問題入門書。  
A5変判 148頁 本体2400円

### 甲殻類学—エビ・カニとその仲間の世界

朝倉 彰 編著



分類、生活史、生活環境等の最新話題を第一線で活躍する研究者がまとめた甲殻類の生物学。甲殻類とは/フクロエビは子蟹類/海のカニマン/オスがメスであるエビのはなし/産卵性エビ類の生態と多様性/様々なヤドカリたち/ハクセンシオマネキ/コマツキガニ/シオマネキの仲間に見られる2つの交尾行動/エビ・カニ・ヤドカリの幼生時代/果穴の中の共生関係/知られざるニホンザリガニの生息環境  
A5変判 294頁 本体2800円

### 虫の名、貝の名、魚の名—和名にまつわる話

青木淳一・奥谷簡司・松浦啓一 編著



虫、貝、甲殻類、魚の名前に関する命名の逸話から標準和名の問題などを取り上げ解説する。虫の部；虫の名談義/貝の部；にな、つぶ、ばい、函蓋ごとに違う貝の和名、カニの名の発想・エビの名の由来、イカの方言行脚/魚の部；命に聞かせる和名/魚の困った名前/標準和名の安定化に向けて  
A5変判 260頁 本体2800円

### 地球学入門—惑星地球と大気・海洋のシステム

酒井治孝 著



地球を探る、地球の謎を解く、私たちの住む地球を学ぶための「授業のための地球科学」のテキスト。惑星地球の環境、生きている固体地球、大気・海洋の循環と気候変動、地球環境の変化と生物進化の四部構成。  
A5判 312頁 本体2800円

### 学術論文のためのQ&A

—著作権法に則った「論文作法」

宮田 昇 著



学術論文の執筆・出版に必要な著作権知識をQ&A形式で紹介する。大学生・研究者・編集者に必携の書。  
新書判 146頁 本体1400円

### DVDブック さかなの街 Vol.1~3

ジャック・T.モイヤー・中村宏治 共著



出産する魚、交尾する魚、オスからメスに性転換する魚……、私たちが普段知らないことのない魚の求愛から繁殖といった繁殖生態を中心に、自然体で美しく生きる魚たちの社会行動を貴重な映像と軽快な解説で紹介。1巻6種、計18種の特徴的な魚をテーマに取り上げる。  
A5判 16頁 本体3800円

東海大学出版会

〒257-0003 神奈川県秦野市南矢名3-10-35 東海大学同窓会館内  
Tel. 0463-79-3921 Fax. 0463-69-5087 <http://www.press.tokai.ac.jp/> 価格税別