

## No. 6

複数のマイクロアレイの発現データを用いたウェルシュ菌のオペロンおよび共発現、逆相関している遺伝子群の解析

Estimation of the operons and coexpressed genes based on the microarray expression profiles in *Clostridium perfringens* strain 13.

久原 哲

Sarotu Kuhara

(九州大学)

e-mail: kuhara@grt.kyushu-u.ac.jp

ウェルシュ菌はグラム陽性の偏嫌気性有孢子細菌であり、人体に対しては、解糖系で生じるガスによるガス壊疽、タンパク分解酵素による筋壊死、毒素による食中毒を引き起こす。ウェルシュ菌は 3,031,430 塩基からなり、染色体の遺伝子 2,660 個、プラスミドの遺伝子 63 個を含むことが明らかにされている。

これまでに、遺伝子破壊あるいは培養条件の異なる 106 個のマイクロアレイ実験データを用いて、遺伝子の共発現性を基にオペロン構造、発現の制御等を検討することを目的として、すべての染色体遺伝子、プラスミド遺伝子、および IGR (Inter genic region) について総当りのピアソンの相関係数を算出した。

まず、IGR や毒素関連遺伝子、転写制御の遺伝子、二成分制御系の遺伝子との共発現を調べるにあたって、ピアソンの相関係数(正の相関)についての閾値を決める必要がある。そのため、閾値となる相関係数の値を変化させ、ODB(オペロンデータベース)に対するオペロン予測の精度を求め、最も予測精度が高いときの相関係数の値(+0.7312[+3.2 $\sigma$ ])を共発現する遺伝子を調べるときに閾値と設定できた。

同様に、逆相関のある遺伝子を調べるにあっても、ピアソンの相関係数(負の相関)についての閾値を決める必要があり、そのため、閾値となる相関係数の値を変化させ、含まれる ORF の数をそれぞれ求め、変化率が高いときの相関係数の値(-0.5699[-2.7 $\sigma$ ])を逆相関の遺伝子を調べるときに閾値と設定できた。

次に、相関係数が+0.7132 以上および-0.5699 以下の ORF または IGR のペアを対象として、グルーピングを行った。方法としては、IGR、毒素関連遺伝子、転写制御の遺伝子、二成分制御系の遺伝子の各々を起点として、相関のリンクが1つ目までの ORF または IGR を求め、同じものを含む場合は同一のグループとしてまとめた。その結果、ウェルシュ菌において病原遺伝子発現の調節機構として知られている、二成分制御系 VirR/VirS の遺伝子と複数の毒素遺伝子が1つのグループの中に確認できた。

また、いくつかの転写制御遺伝子で、共発現している遺伝子群や逆相関関係のある遺伝子群を同定することができた。