

**The Software for Viewing the Genome Sequence and Annotations of
Thermus thermophilus HB8**

Yuki Maruyama, Hidetoshi Yamashita, Toru Suzuki, Ryuta Komatsu, Masanari Kitagawa

丸山有紀、山下英俊、鈴木徹、小松龍太、北川正成

(DragonGenomicsCenter, TakaraBio Inc.)

(タカラバイオ株式会社ドラゴンジェノミクスセンター)

e-mail: kitagawam@takara-bio.co.jp

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 株のゲノムシーケンスは今年の夏に完成された。

細菌のゲノムシーケンスの決定は、Whole Genome Shotgun とそれに引き続いての Gap Closure と呼ばれる段階を経て、最終的に完成される。Whole Genome Shotgun 解析において、質の高いライブラリの作成は非常に重要な点である。とくに個々のクローンの挿入断片長が均一なライブラリを作成することは、そのあとのアセンブルの作業の間違いを減らし、Gap closure の作業を進めやすくすることに貢献する。

T. thermophilus HB8 株のゲノムシーケンスは、当初、さまざまなライブラリソースを用いて開始されている。最初のドラフトシーケンスはシーケンス解析数は多かったものの、ライブラリのランダムなどに問題があったため、そのまま Gap closure に入ることが難しかった。そこで、Gap closure を行うに足るだけのドラフトシーケンスを得るために、よりランダムさが高く、かつ挿入断片長の均一なライブラリを再度作成した。

この新たな Shotgun 解析のデータと、元からのドラフトシーケンスのデータを合わせてアセンブルすることにより、

しかし、この段階でもリンクのついていない Gap が多く存在し、Gap closure のためには、リンクなしのコンティグ間の順番を決める必要があった。このような場合は、PCR を用いて隣り合うコンティグの同定を進めるのが常套手段であるが、この菌の場合、高い GC% などのためか、非常に PCR による増幅が困難な領域が多く、またたとえ増幅ができて、その後に行う Primer Walk によるシーケンス解析で読み進むことが難しいなど、さまざまな問題もあったため、Fosmid をベクターとする新たなショットガンライブラリを作成し、リンククローンの取得を進めた。

以上のような、上質なライブラリに基づいた解析によって、この菌のゲノムシーケンスは進められ、M のゲノムと 250kb のメガプラスミド、10kb のプラスミドの配列が決定された。

われわれは、これらのゲノム配列を閲覧するビューワソフトを開発しており、ゲノムシーケンス解析の結果を適用したので、動作のデモンストレーションを含めて紹介する。

このソフトウェアは、データをわかりやすく表示することを目的としており、

- ・ アノテーションをつけた遺伝子のマップ
- ・ マップされた遺伝子のシーケンス品質と配列決定過程
- ・ 遺伝子配列やシーケンスデータの書き出し
- ・ blast 結果の閲覧
- ・ アノテーションの一覧表の書き出し

など、多彩な機能を提供するものである。