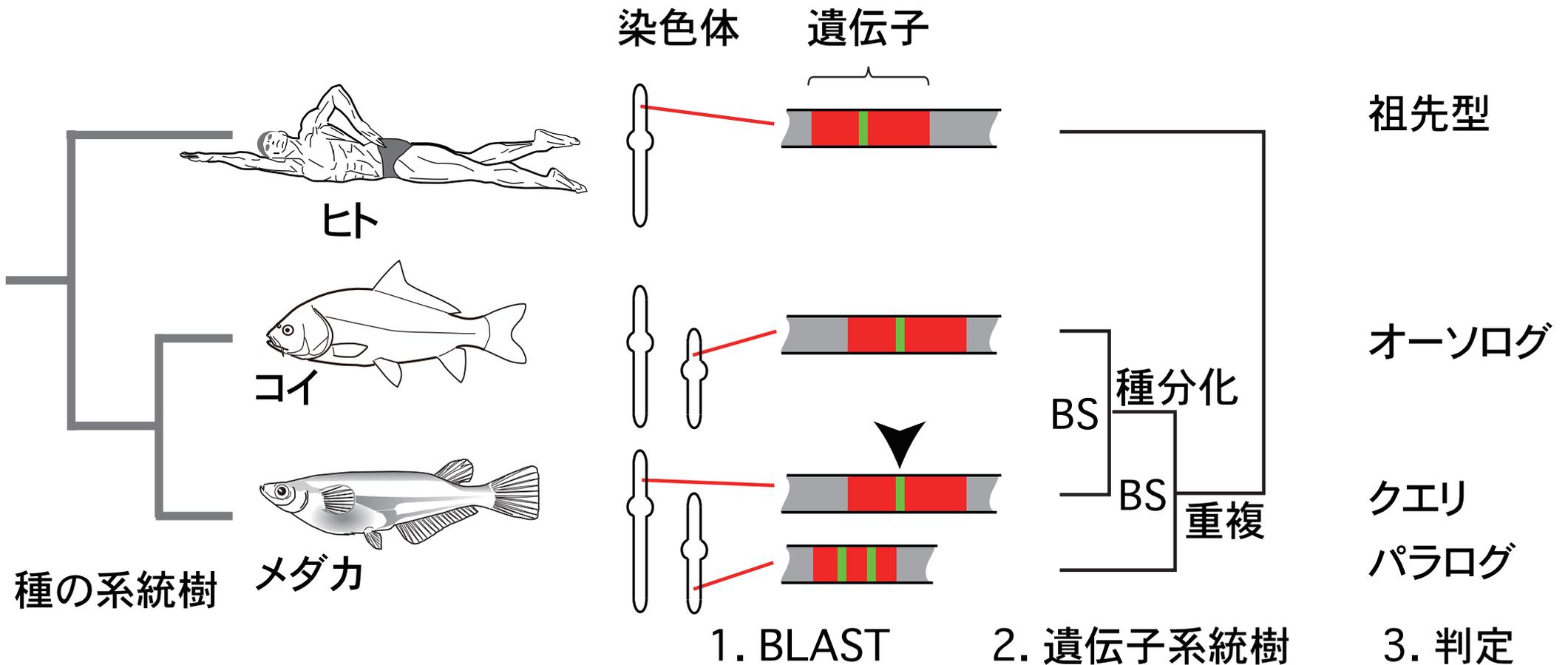


ORTHOSCOPE* :
ゲノムに存在する全遺伝子の
歴史を推定する系統解析パイプライン

井上 潤

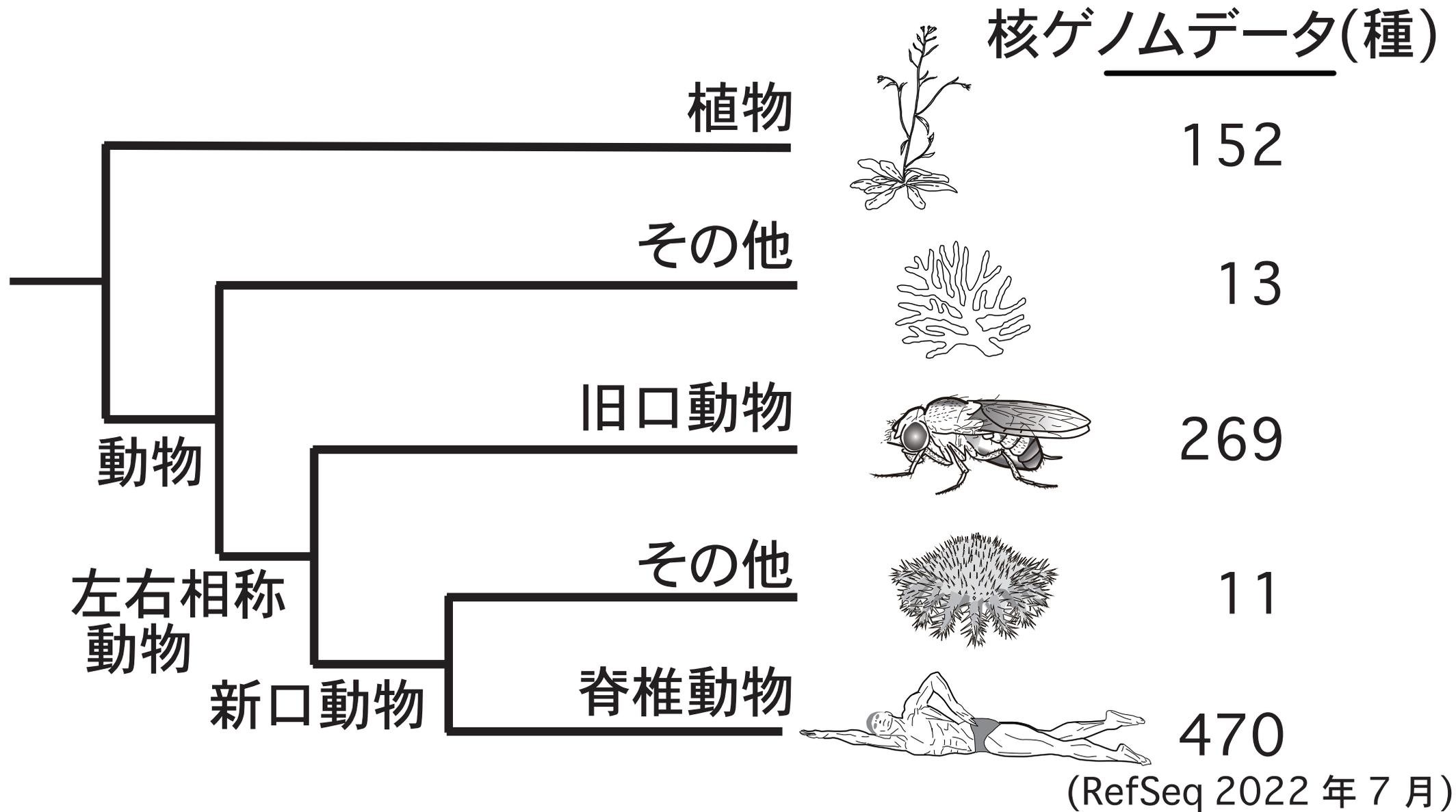
2022年9月8日
動物学会

ORTHOSCOPE* は何ができる？



- この作業を全遺伝子について行う。
- 動植物 600 種のデータを使える。

ゲノムデータが蓄積している



ゲノムを比較すれば進化の謎に迫れる

Web ツール ORTHOSCOPE を開発

ORTHOSCOPE v1.5.2 - AORI: yurai

Gene tree and orthogroup estimation using a species tree (< 5 min as default).

2 July 2022

[Instructions](#), [Species tree](#)

Support: Safari(except for v14), Firefox, Chrome

NEWS A script for genome wide data, [ORTHOSCOPE*](#), has been published.

Focal group

[Actinopterygii](#)

[Mammalia](#)

[Vertebrata](#)

Deuterostomia

[Protostomia](#)

[Acropora](#)

[Plants](#)

Status

Ready.

Execute

Mode

Estimating gene tree

Comparing gene and species trees

Upload file

Sequences (fasta): DNA Amino acid

Example fasta file: [DNA](#), [Amino acid](#)

Species tree (newick): ファイル未選択

If not selected, [this tree](#) is used.

Sequence collection

BLAST E-value threshold for reported sequences

1e-5 1e-4 1e-3 1e-2 1e-1 1

Number of BLAST hits to report per genome

3 5 10 20

Alignment

Aligned site rate threshold

within unambiguously aligned sites

0 0.2 0.4 0.55

Tree search

Dataset

Amino acid DNA (Exclude 3rd) DNA (Include 3rd)

Rearrangement BS value threshold

60% 70% 80%

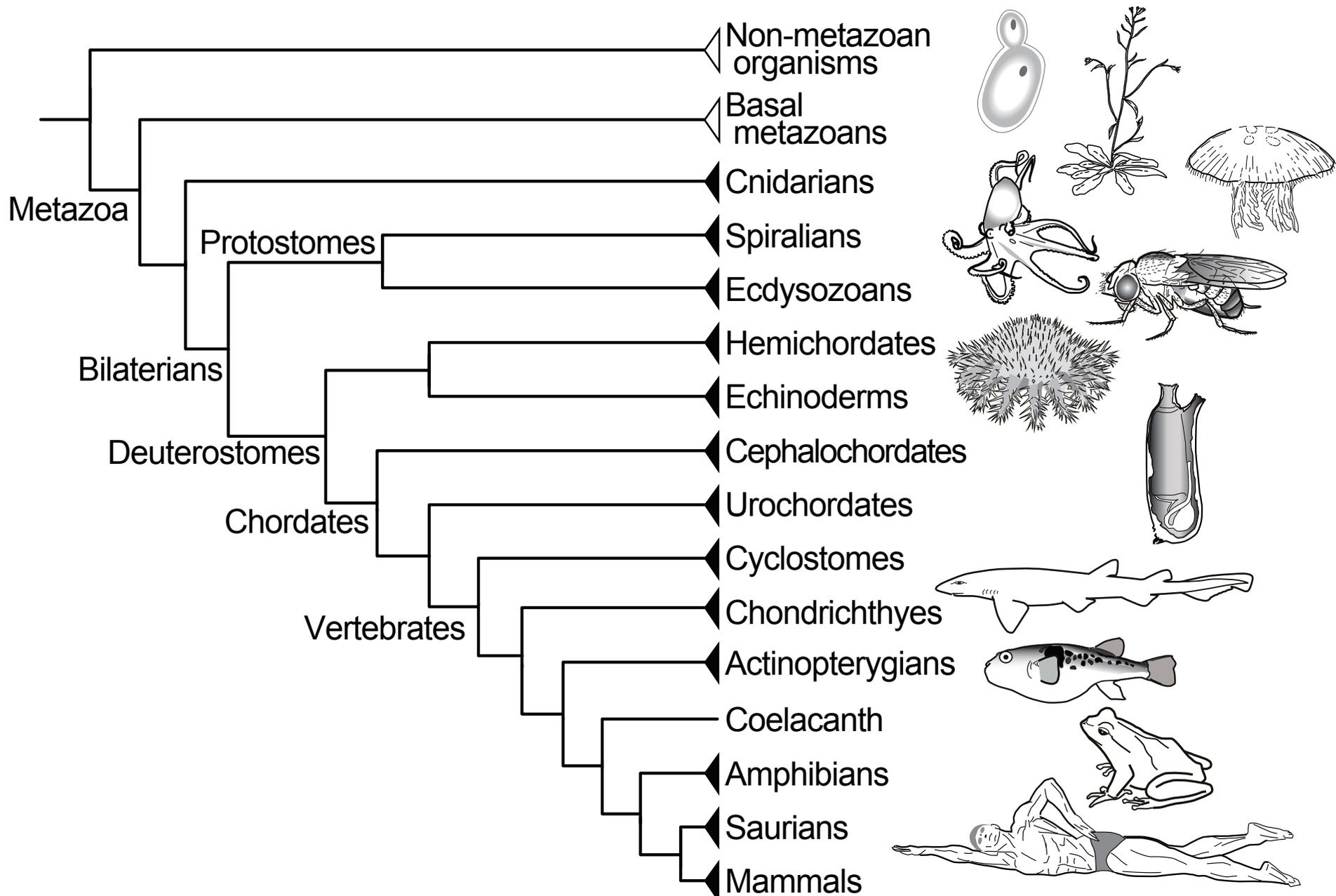
Key node

Nephrozoa or Bilateria

BLAST
+
遺伝子系統樹

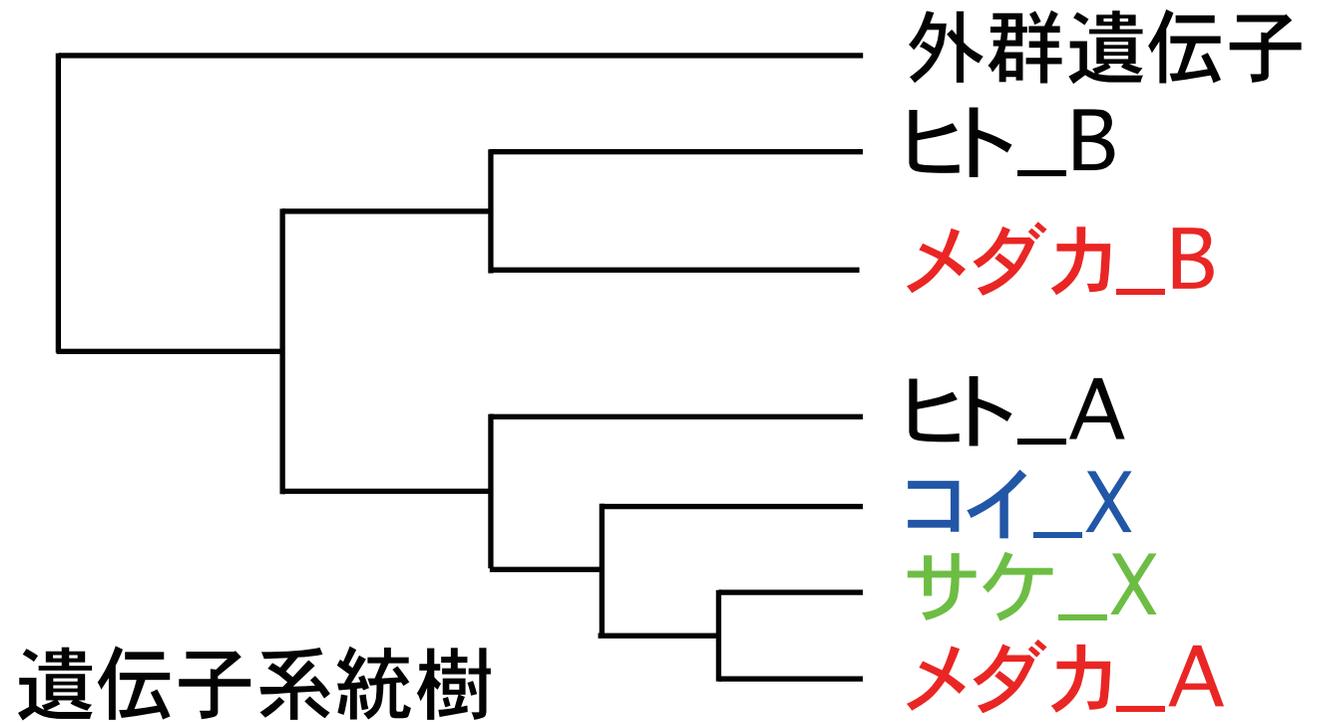
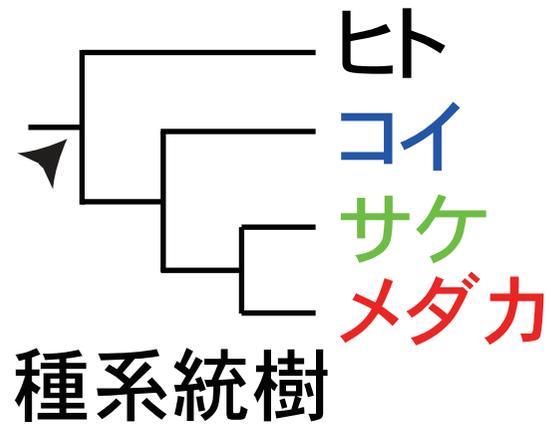
Inoue and Satoh (2019) MBE

ORTHOSCOPE のデータベース

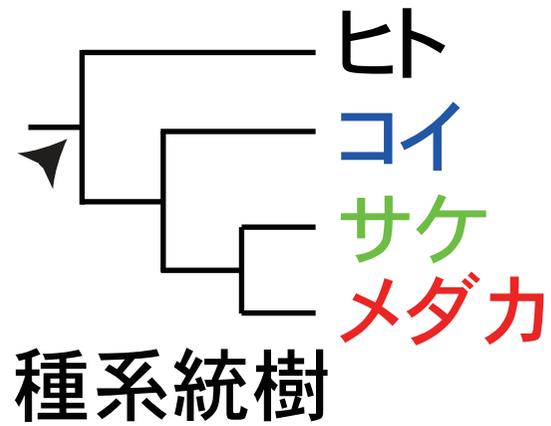


動物 550 種、植物 50 種の遺伝子モデル

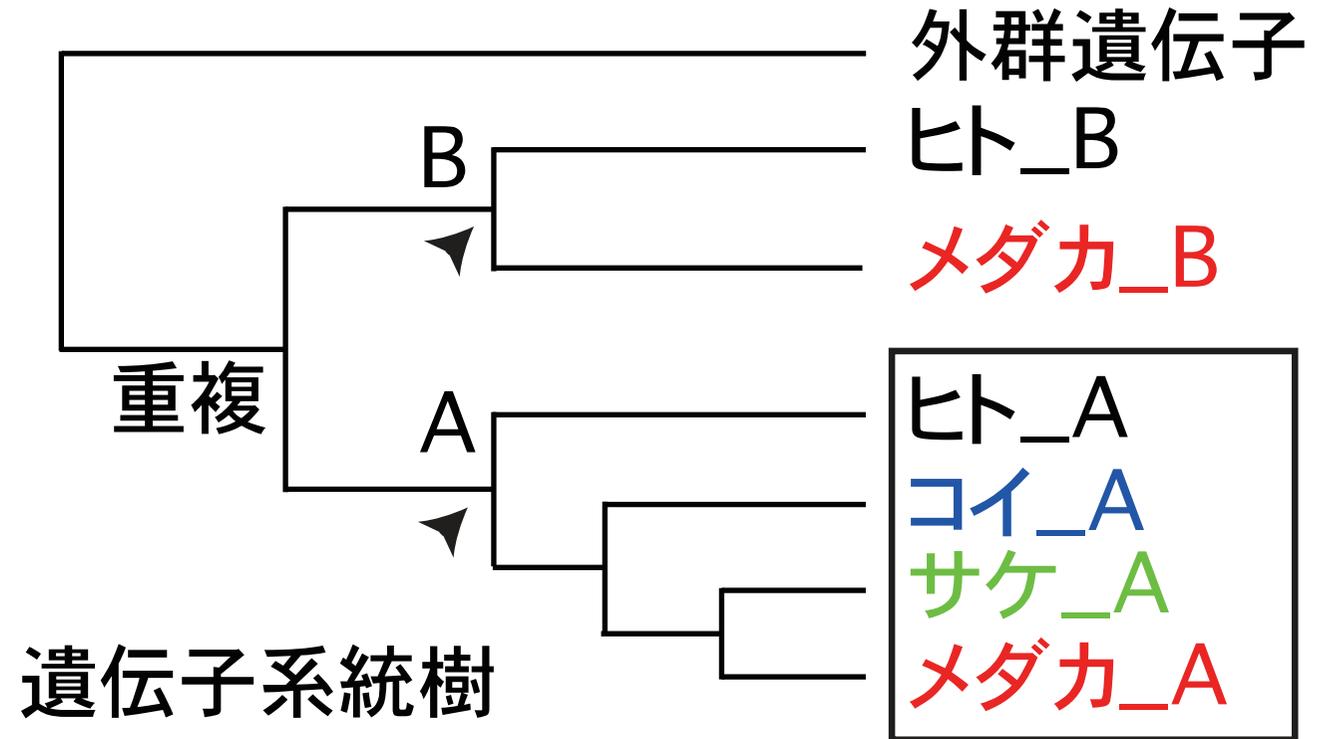
ORTHOSCOPE は何ができる？



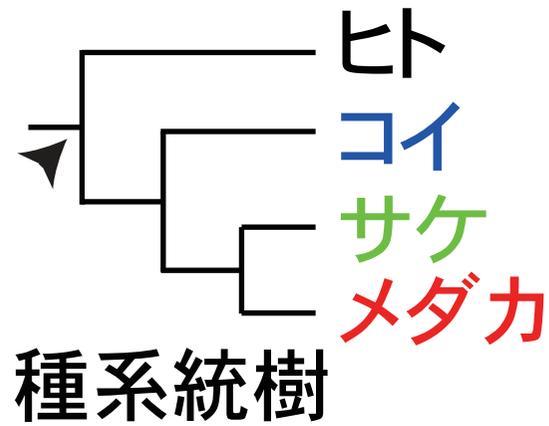
ORTHOSCOPE は何ができる？



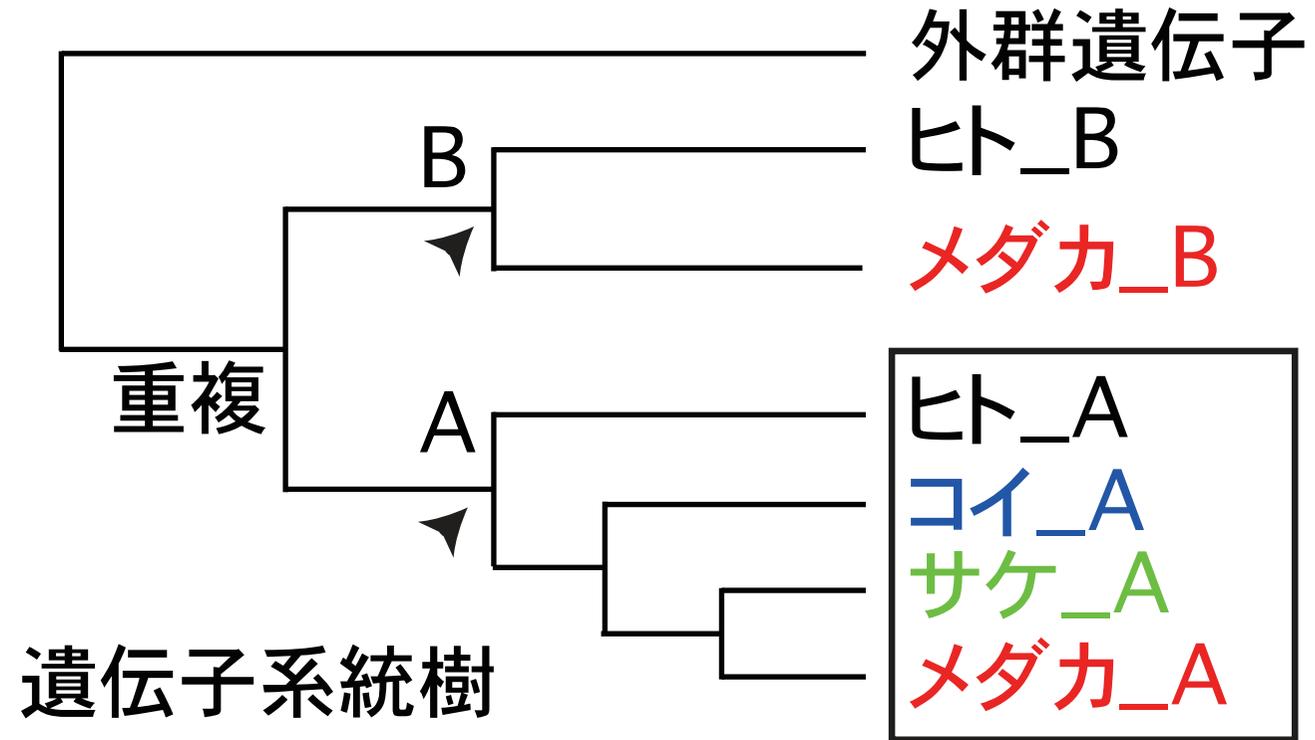
オーソグループを見つけて、



ORTHOSCOPE は何ができる？



オーソグループを見つけて、



- 遺伝子の機能が推定できる
- 遺伝子（遺伝子座）の数がカウントできる

ORTHOSCOPE demonstration

ORTHOSCOPE v1.5.2 - AORI: yurai

Gene tree and orthogroup estimation using a species tree (< 5 min as default).

2 July 2022

[Instructions](#), [Species tree](#)

Support: Safari(except for v14), Firefox, Chrome

NEWS A script for genome wide data, [ORTHOSCOPE*](#), has been published.

Focal group

[Actinopterygii](#)

[Mammalia](#)

[Vertebrata](#)

[Deuterostomia](#)

[Protostomia](#)

[Acropora](#)

[Plants](#)

Status

Ready.

Execute

Mode

Estimating gene tree

Comparing gene and species trees

Upload file

Sequences (fasta): DNA Amino acid

Example fasta file: [DNA](#), [Amino acid](#)

Species tree (newick): ファイル未選択

If not selected, [this tree](#) is used.

Sequence collection

BLAST E-value threshold for reported sequences

1e-5 1e-4 1e-3 1e-2 1e-1 1

Number of BLAST hits to report per genome

3 5 10 20

Alignment

Aligned site rate threshold
within unambiguously aligned sites

0 0.2 0.4 0.55

Tree search

Dataset

Amino acid DNA (Exclude 3rd) DNA (Include 3rd)

Rearrangement BS value threshold

60% 70% 80%

Key node

Nephrozoa or Bilateria

Deuterostomia

Hemichordata

- Saccoglossus kowalevskii* Helical acorn worm [OIST-R](#) 34239
- Saccoglossus kowalevskii* 1 Helical acorn worm [RefSeq89](#) 20922
- Ptychodera flava* Yellow acorn worm OIST-S 34647

Echinodermata

- Strongylocentrotus purpuratus* Purple urchin EnsMet38 28842
- Strongylocentrotus purpuratus* 1 Purple urchin [RefSeq89](#) 27728
- Acanthaster planci* Crown-of-thorns starfish (Okinawa) OIST-S 24323
- Acanthaster planci* 1 Crown-of-thorns starfish (Okinawa) [RefSeq89](#) 16468
- Acanthaster planci* GBR Crown-of-thorns starfish (Great Barrier Reef) OIST-S 24747

Cephalochordata

- Asymmetron lucayanum* Lancelet [TSA](#) 104311
- Branchiostoma belcheri* Belcher's lancelet [LanceletDB](#) 30392
- Branchiostoma belcheri* 1 Belcher's lancelet [RefSeq89](#) 23855
- Branchiostoma lanceolatum* Mediterranean amphioxus [Amphicode](#) 23586
- Branchiostoma floridae* Florida lancelet [JGI](#) 21954
- Branchiostoma floridae* 1 Florida lancelet [RefSeq89](#) 28621

Urochordata

Appendicularia

- Oikopleura dioica* Pelagic tunicate [OikoBase](#) 17217

Thaliacea

- Salpa thompsoni* Salpa [TSA](#) 76798

Enterogona

- Ciona savignyi* Pacific transparent sea squirt [Ens91](#) 11616
- Ciona savignyi* 1 Pacific transparent sea squirt aNISEED 20115
- Ciona intestinalis* Transparent sea squirt Ens91 16671
- Ciona intestinalis* 1 Transparent sea squirt [RefSeq89](#) 13520

Molgulidae

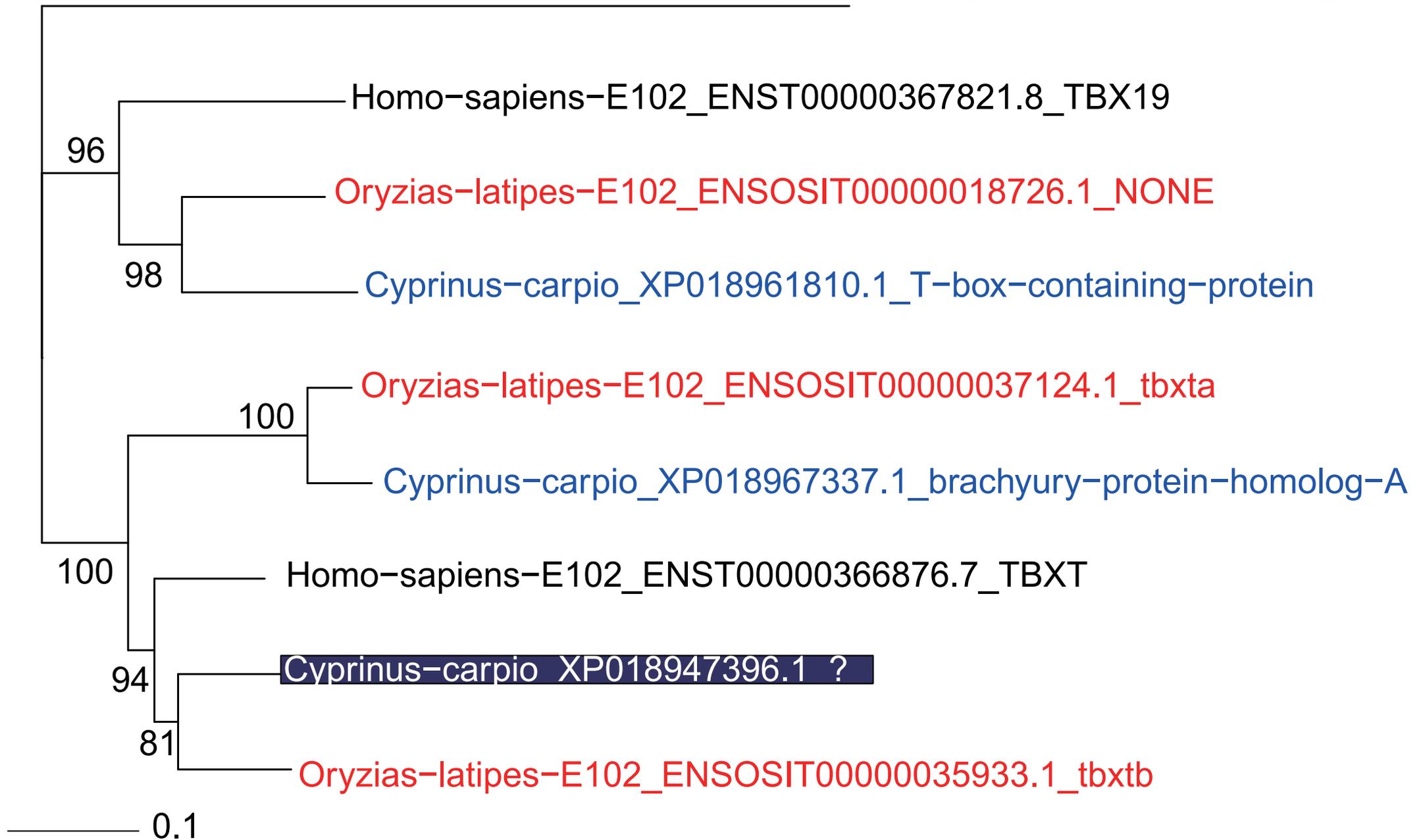
- Molgula occidentalis* — [aNISEED](#) 33023
- Molgula oculata* Sea grape aNISEED 16616

Stvelidae

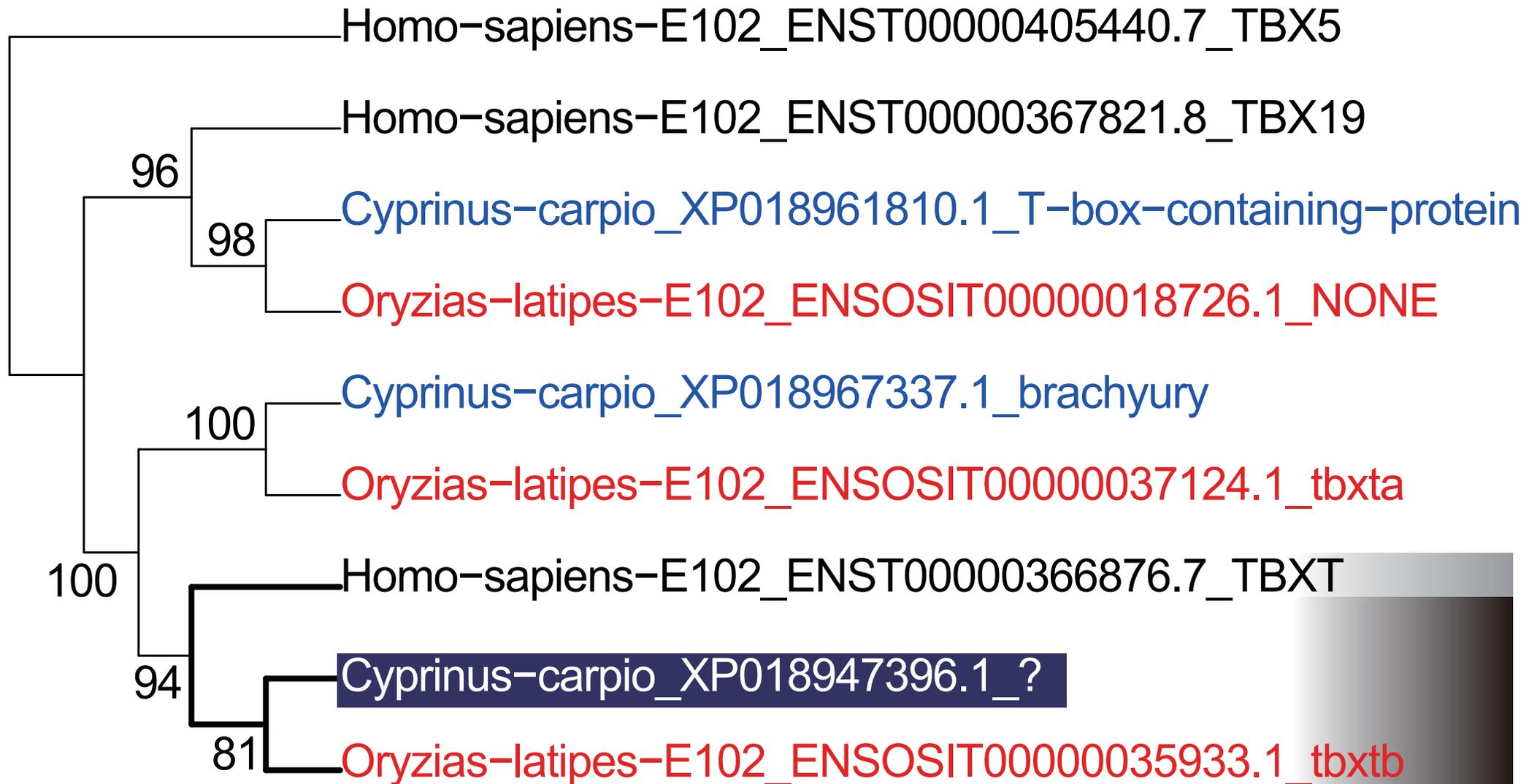
- Botrylloides leachii* Leache's ascidian aNISEED 15839

結果：遺伝子系統樹

Homo-sapiens-E102_ENST00000405440.7_TBX5



結果: 種の系統樹と比較



モデル生物の情報を参照

全遺伝子を解析したい

ORTHOSCOPE

1 遺伝子

Web ツール

Inoue and Satoh (2019) MBE

全遺伝子を解析したい

ORTHOSCOPE

1 遺伝子

Web ツール

Inoue and Satoh (2019) MBE

ORTHOSCOPE*

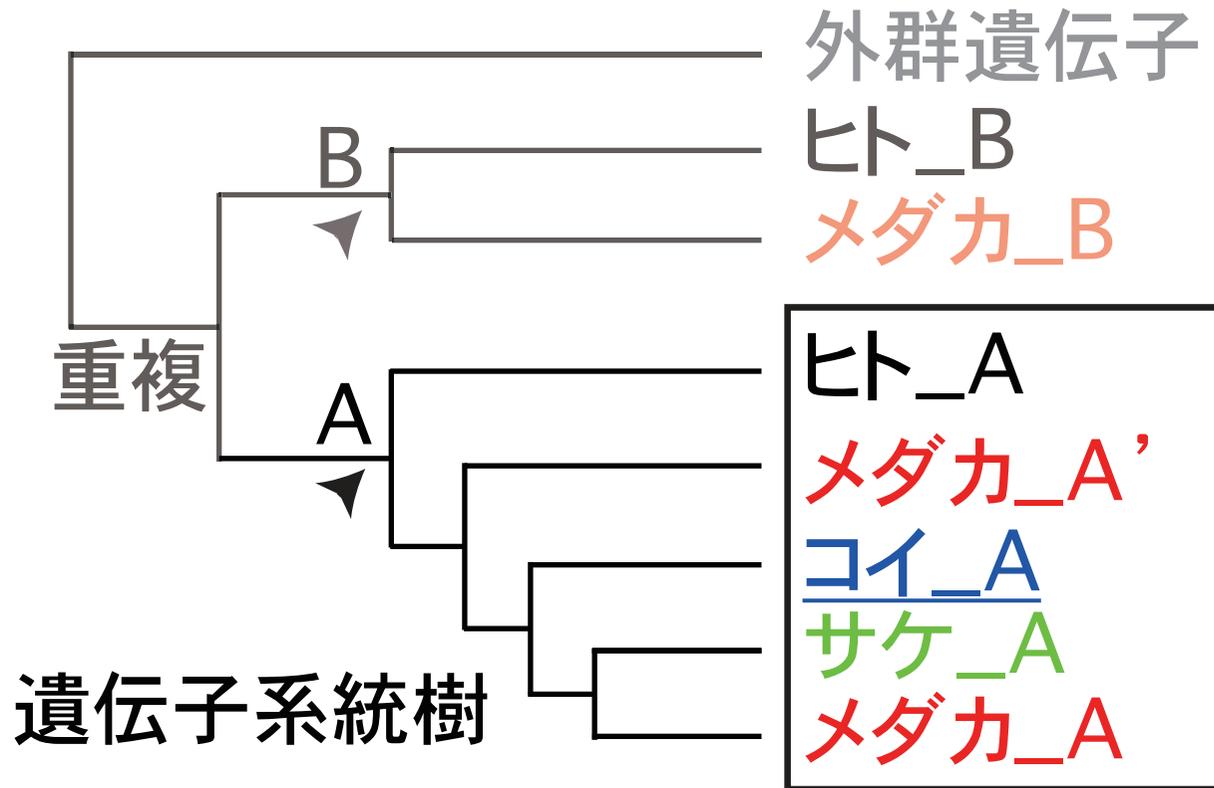
全遺伝子

スクリプト

Inoue (2022) MBE

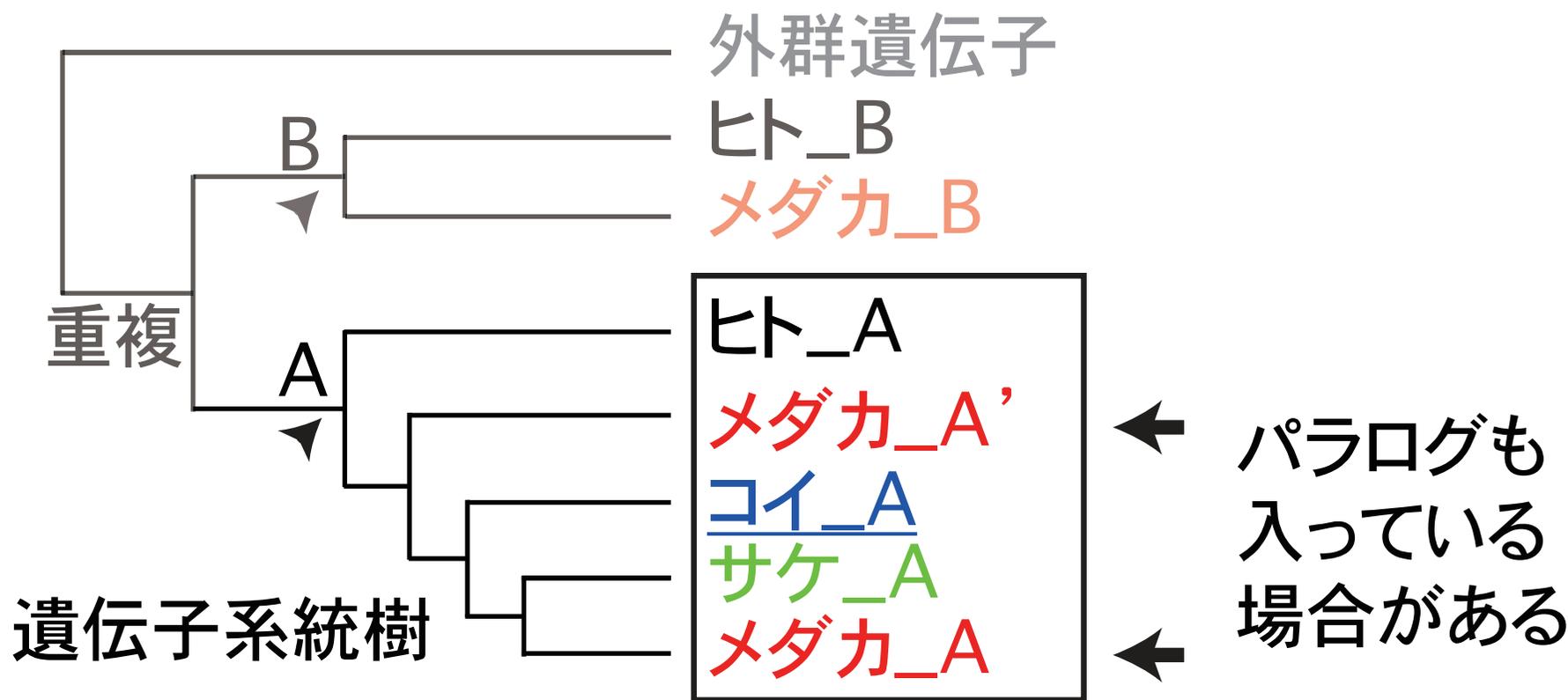
ORTHOSCOPE*

オーソグループだけの系統樹も推定



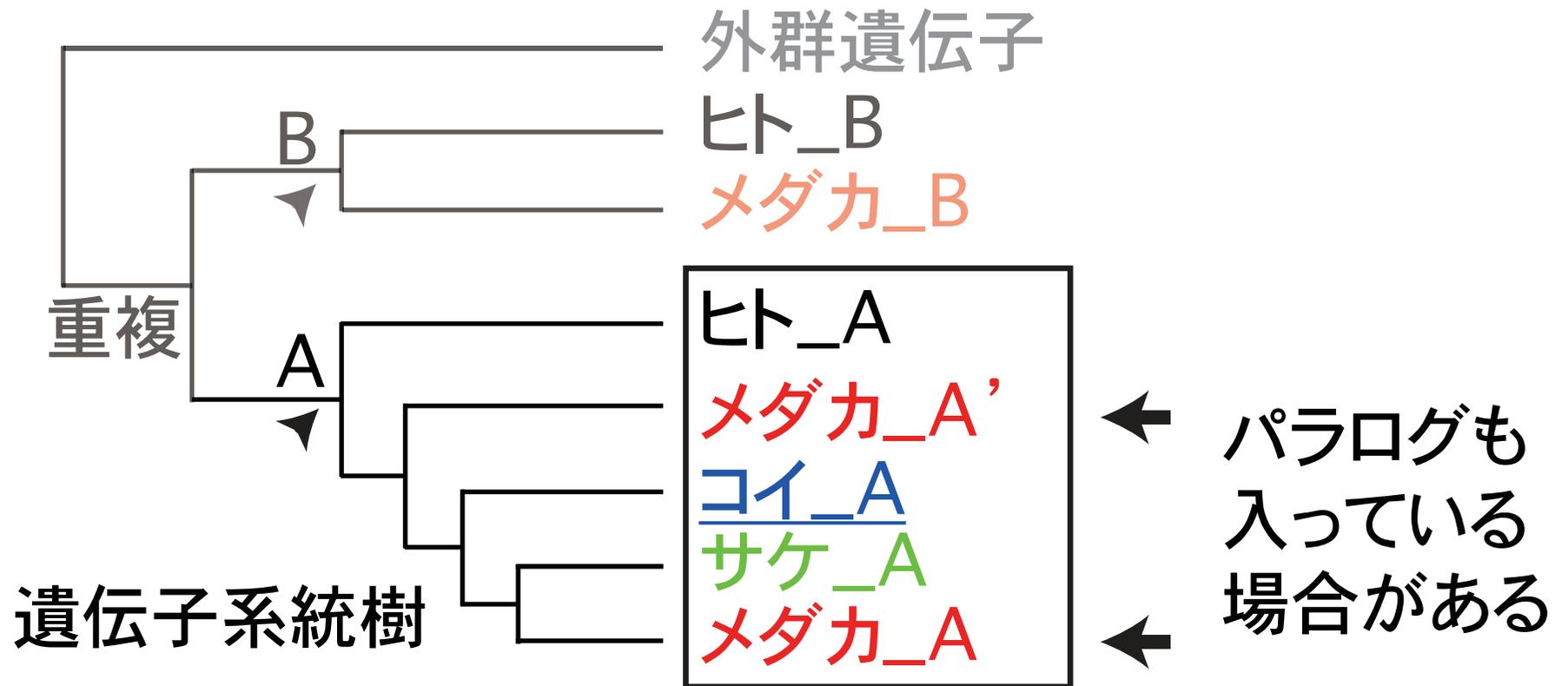
ORTHOSCOPE*

オーソグループだけの系統樹も推定



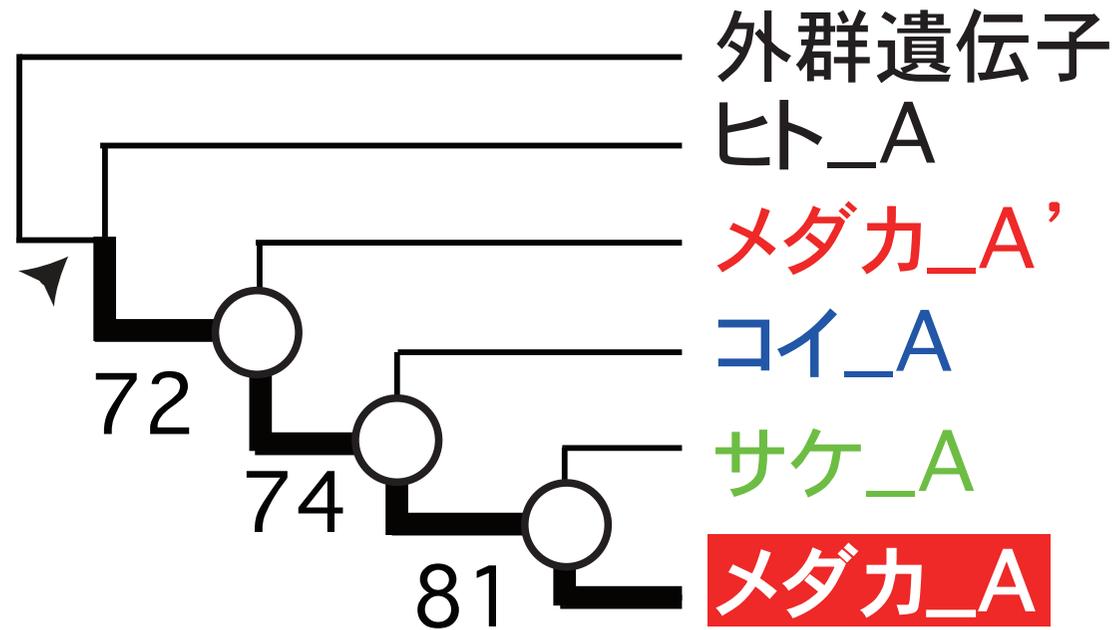
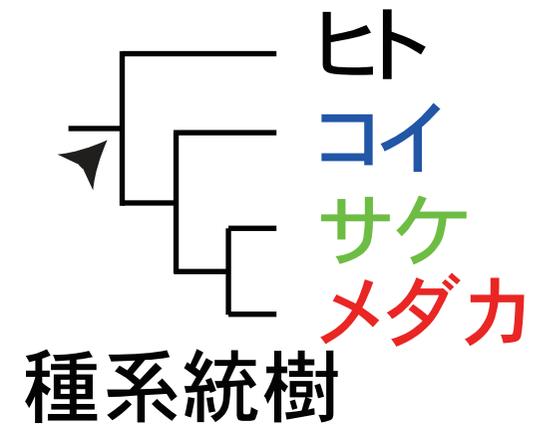
ORTHOSCOPE*

オーソグループだけの系統樹も推定

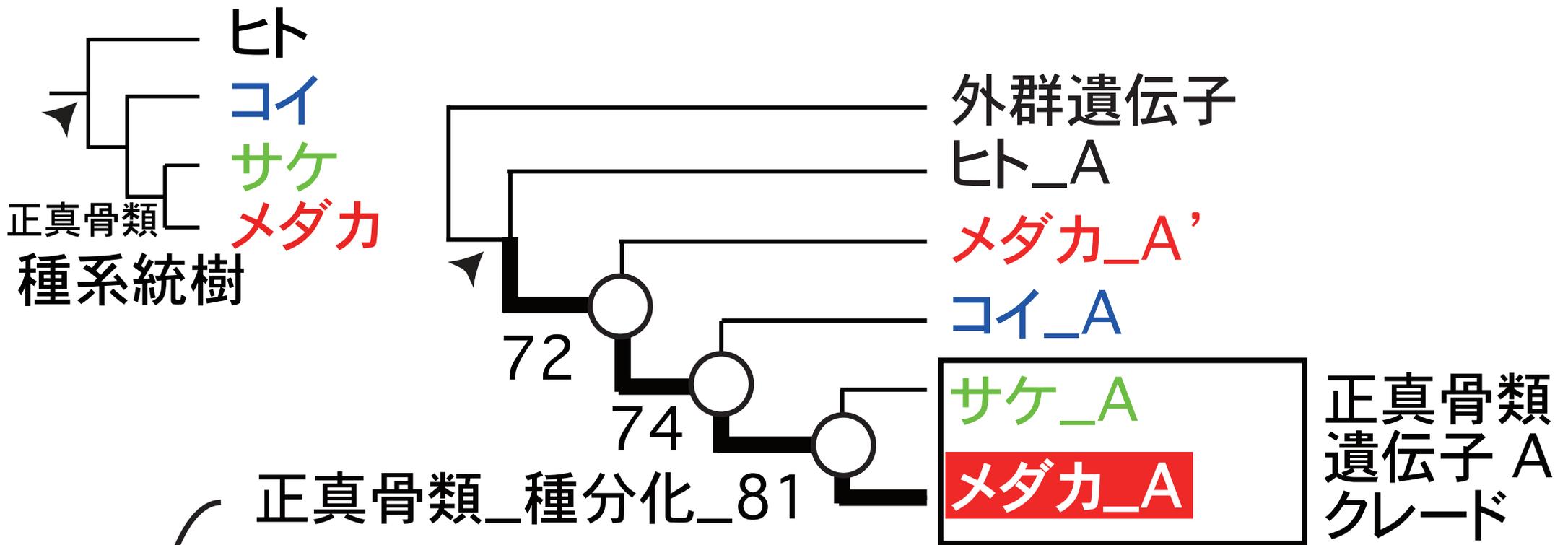


問題点: どれを Concatenate する?

遺伝子ごとの歴史を推定

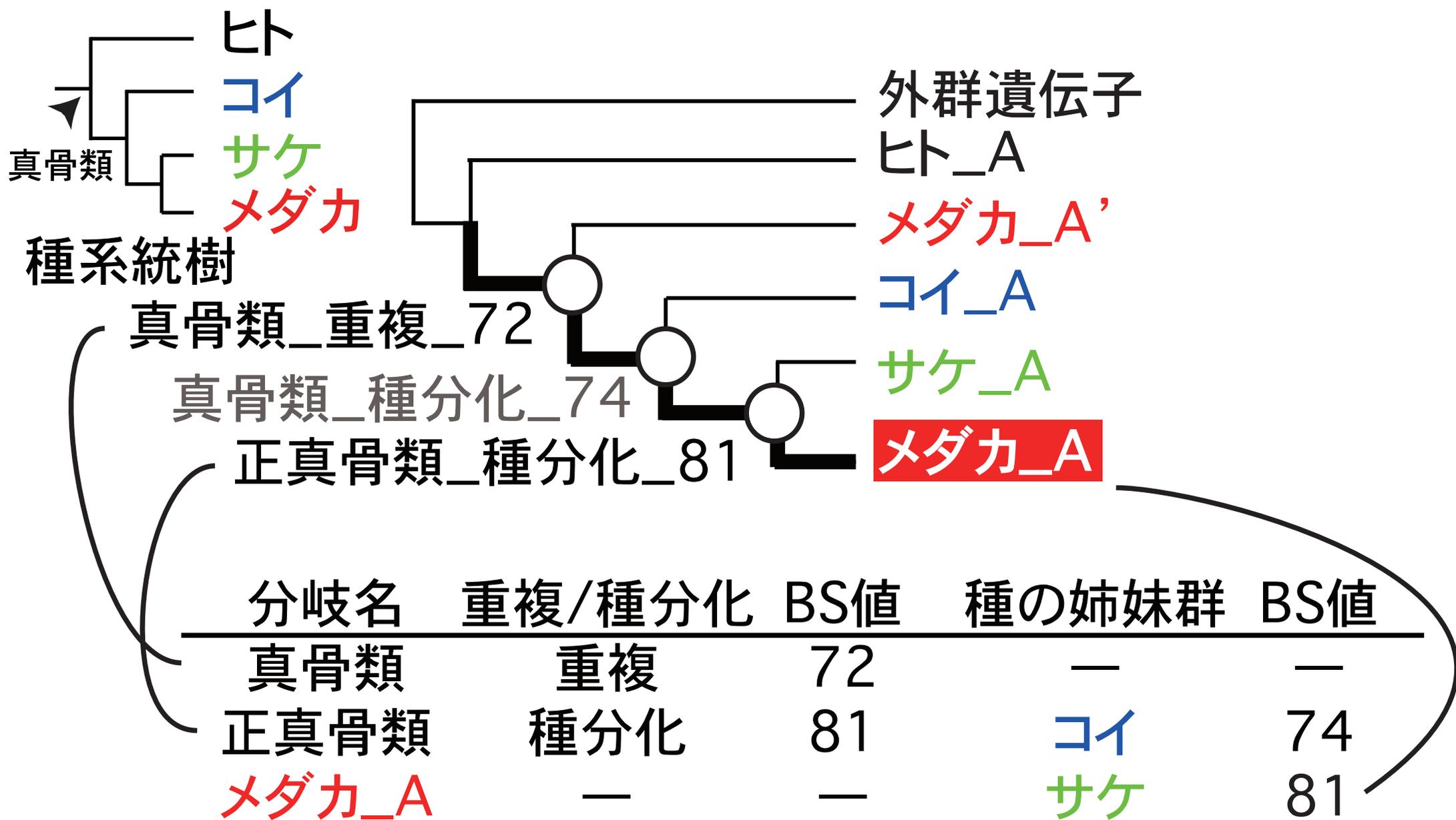


遺伝子ごとの歴史を推定

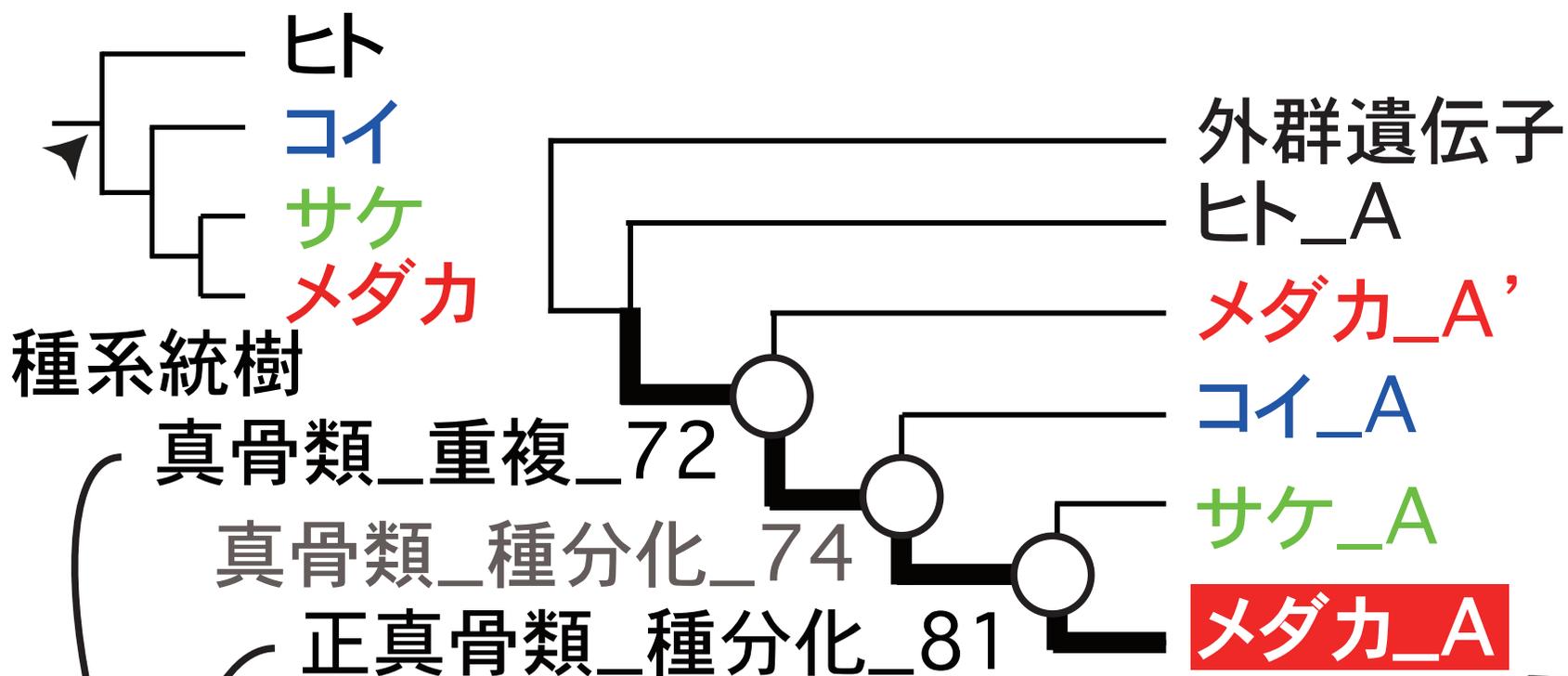


クレード名	重複/ 種分化	BS値	姉妹群	BS値
正真骨類	種分化	81	コイ	74

他のノードも記述



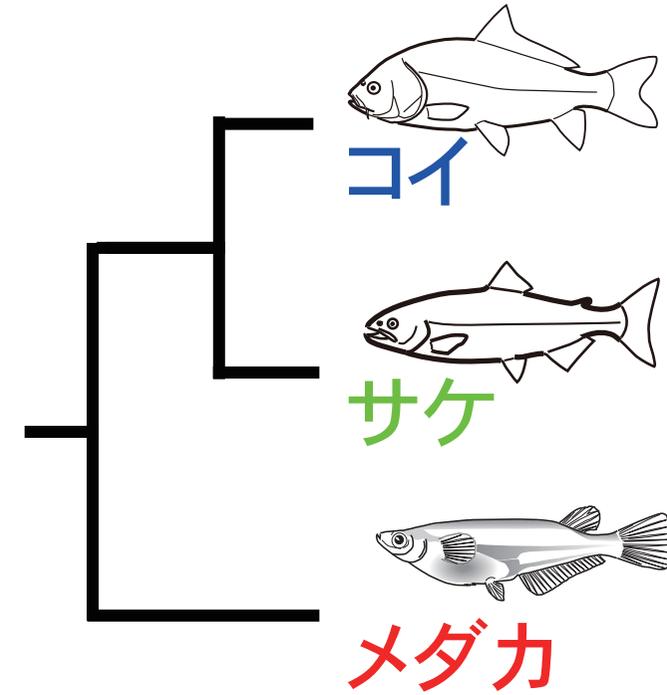
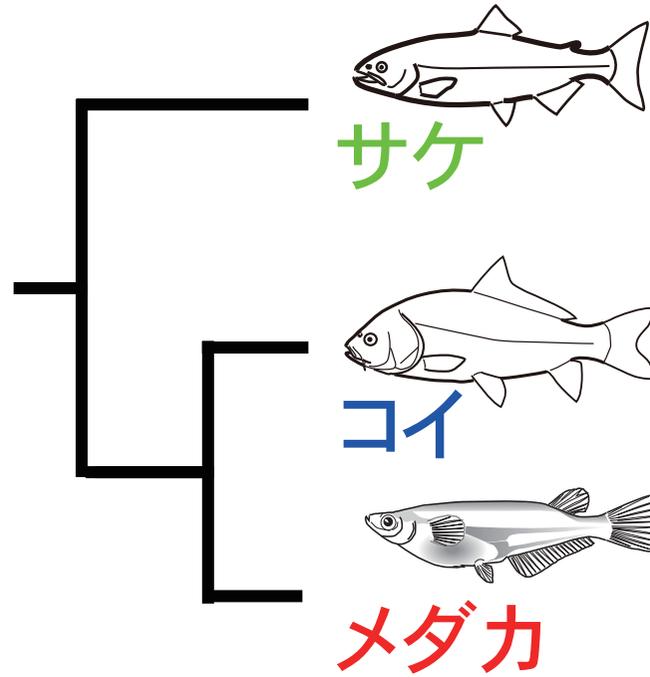
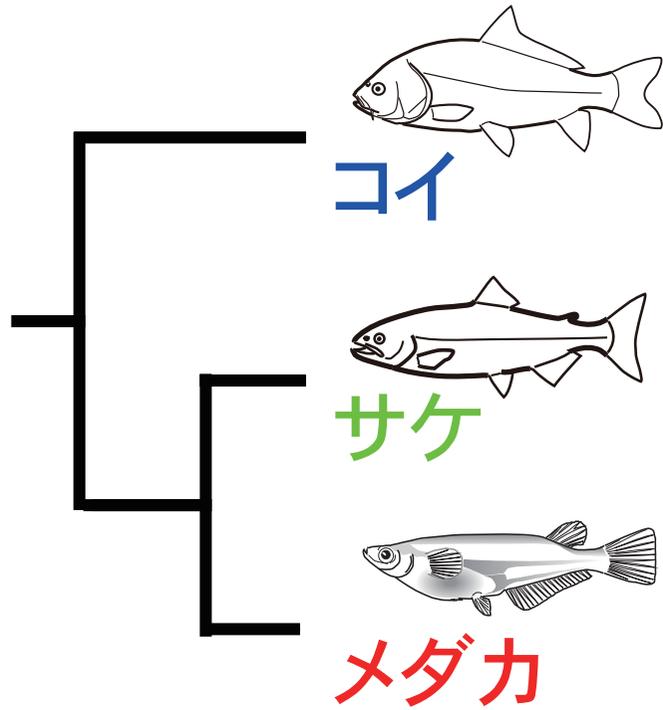
他のノードも記述



分岐名	重複/種分化	BS値	種の姉妹群	BS値
真骨類	重複	72	—	—
正真骨類	種分化	81	コイ	74
メダカ_A	—	—	サケ	81

精度の高い情報だけで、ゲノムの歴史を推定

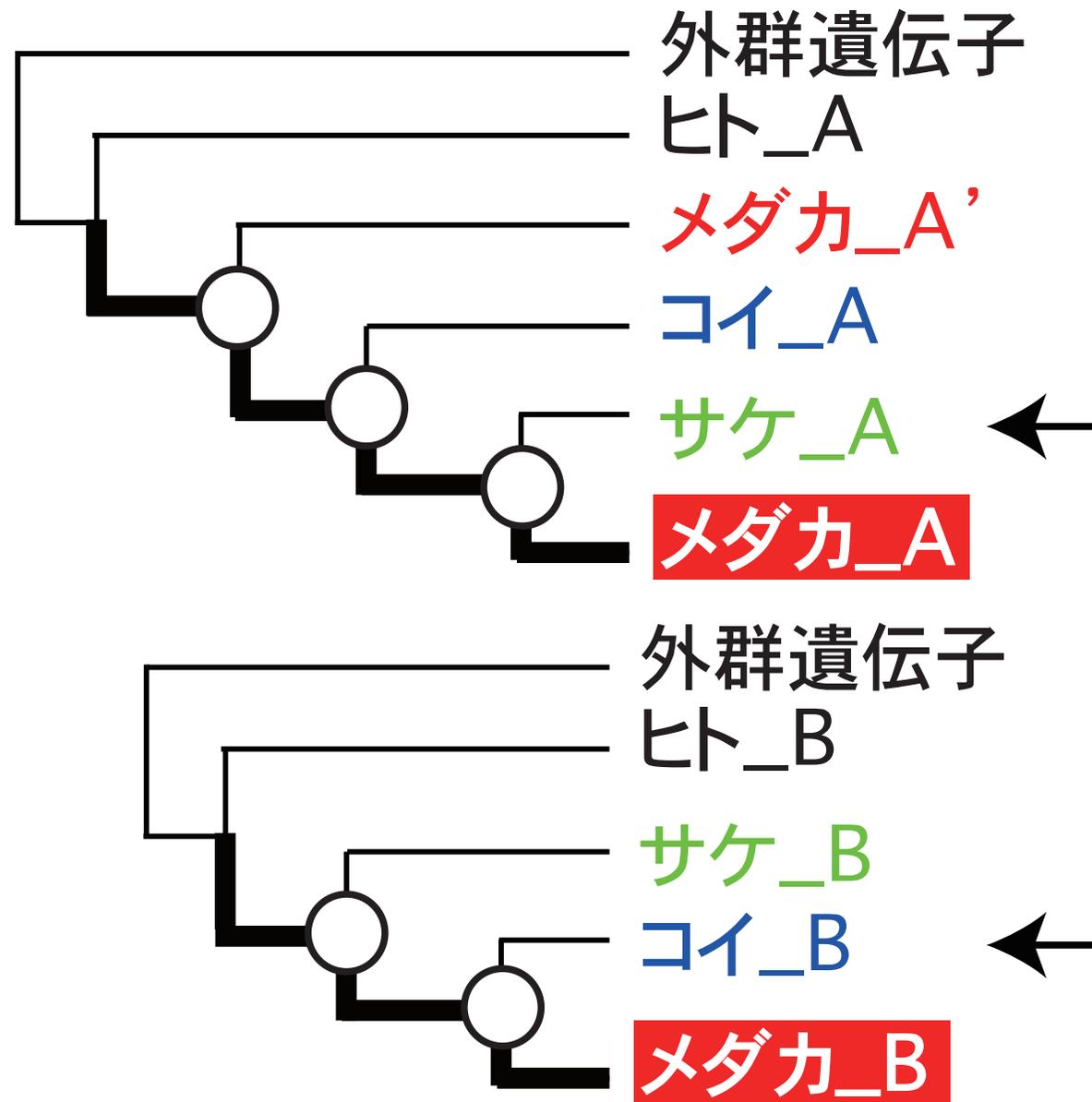
1. 系統仮説を比較



広く認められる関係

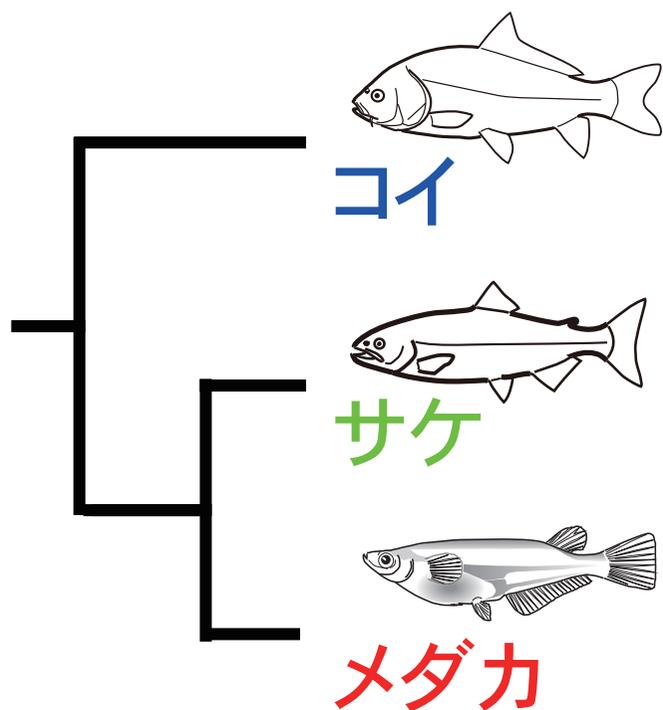
メダカの姉妹群は？

1. 系統仮説を比較

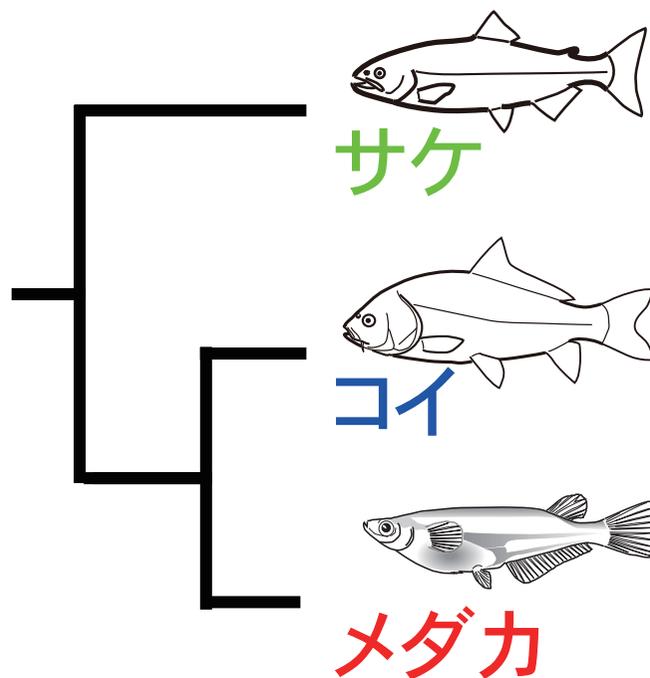


遺伝子ごとに姉妹群（種）を推定

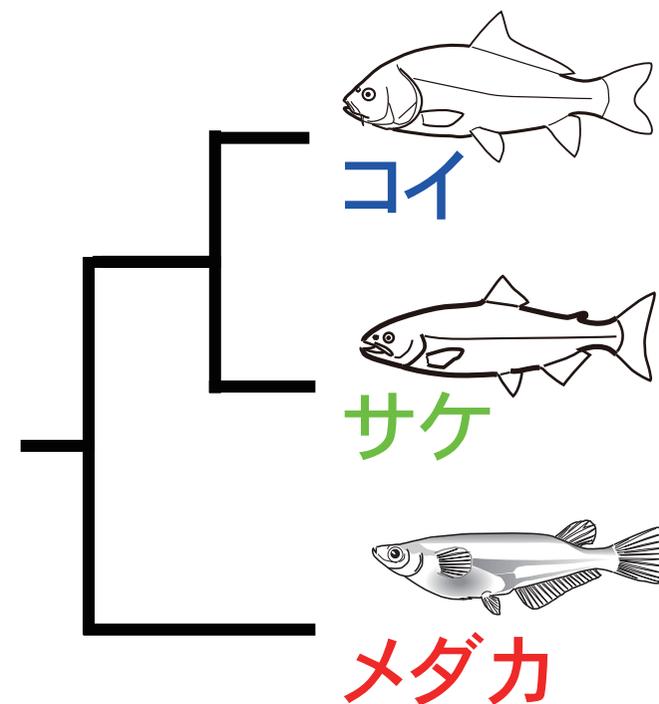
1. 系統仮説を比較



2520 遺伝子



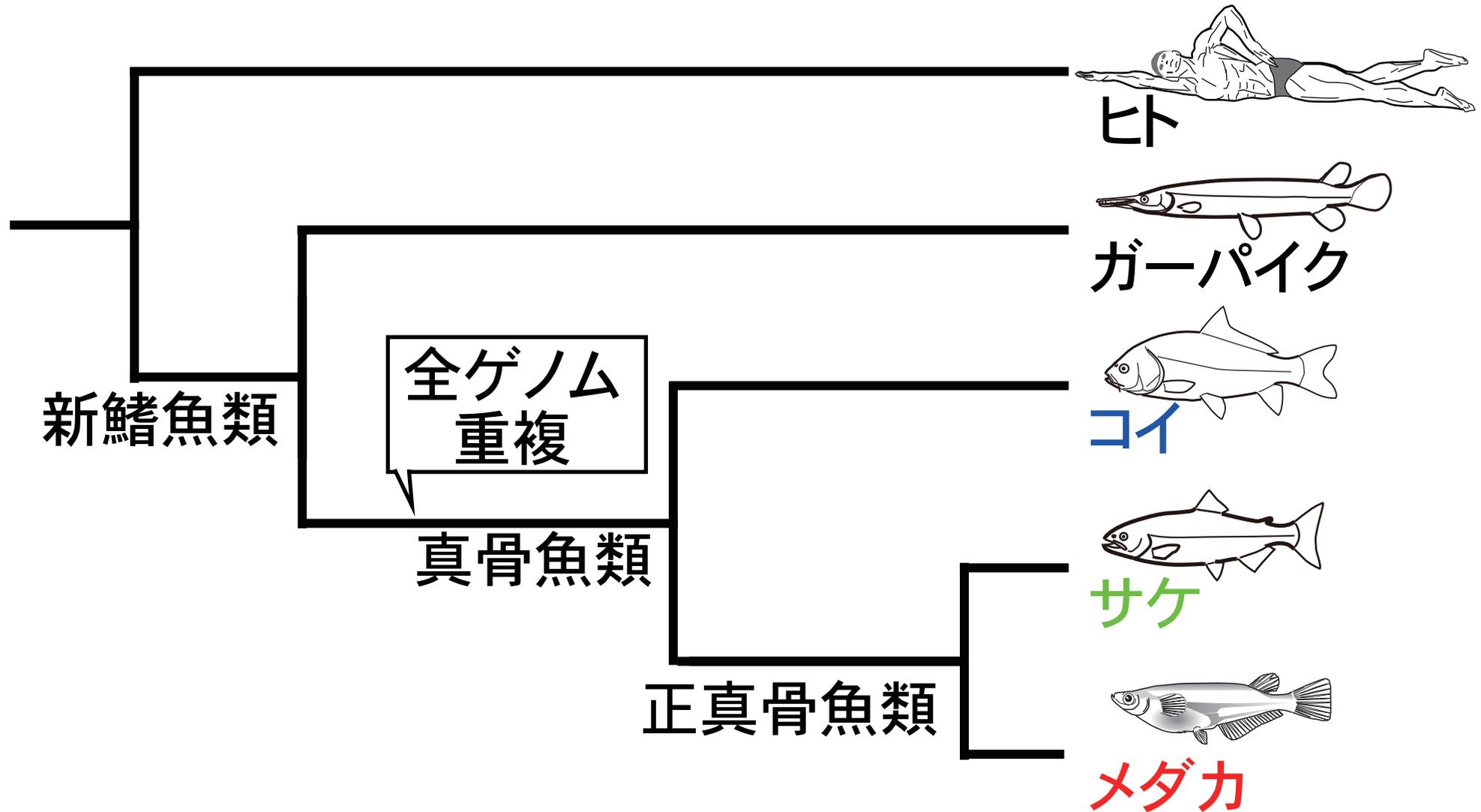
66 遺伝子



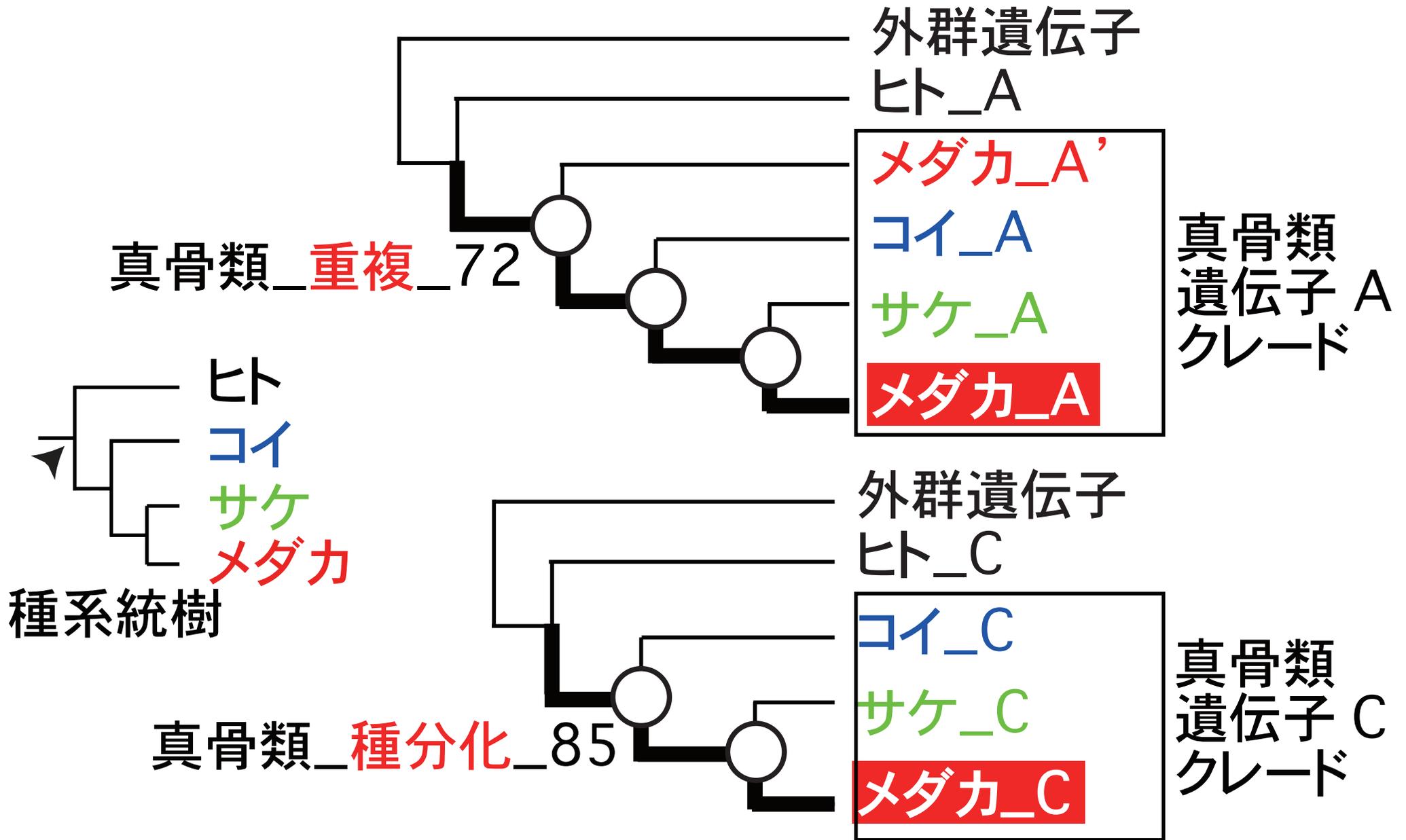
264 遺伝子

多くの遺伝子が再現に成功

2. 全ゲノム重複の検出

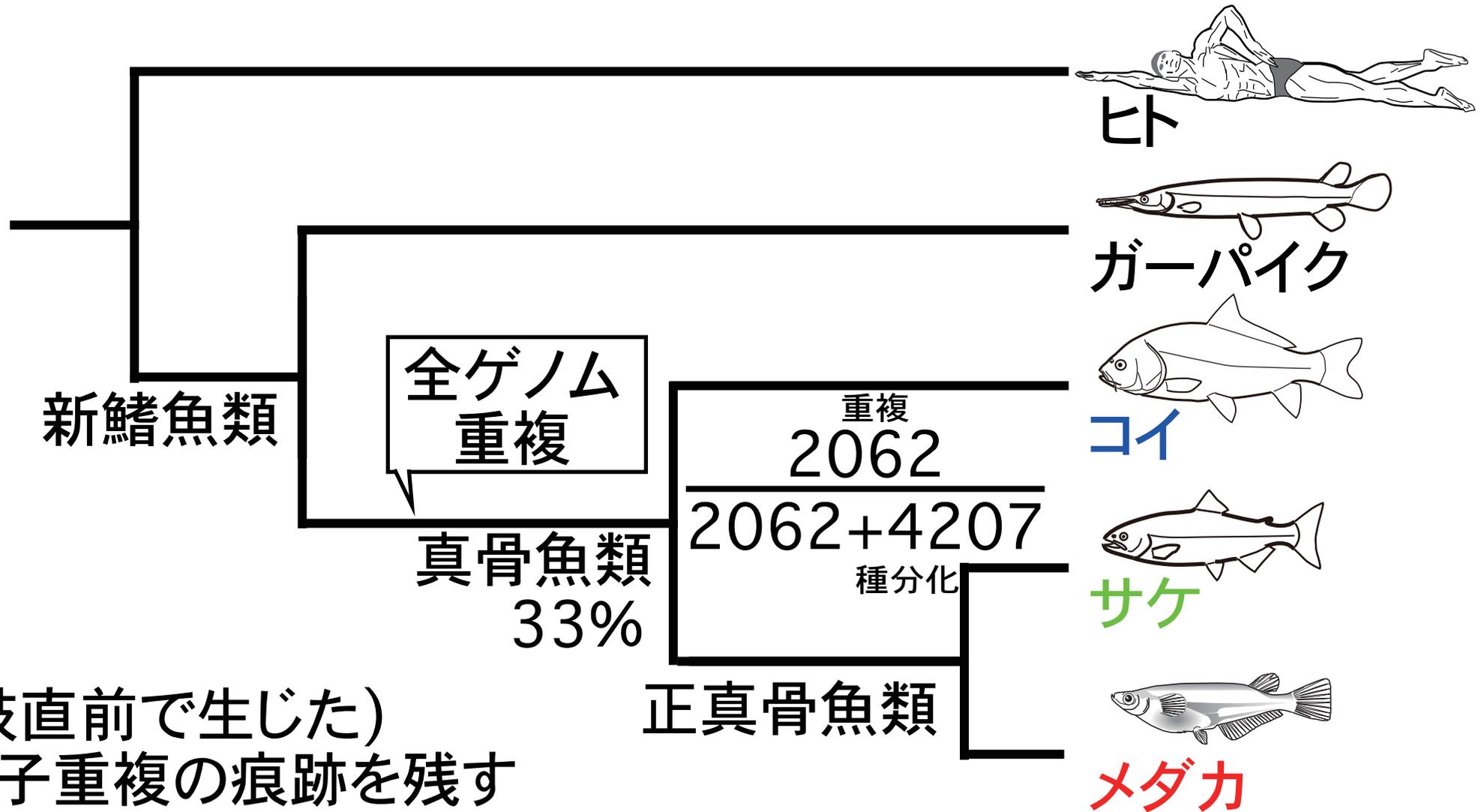


2. 全ゲノム重複の検出



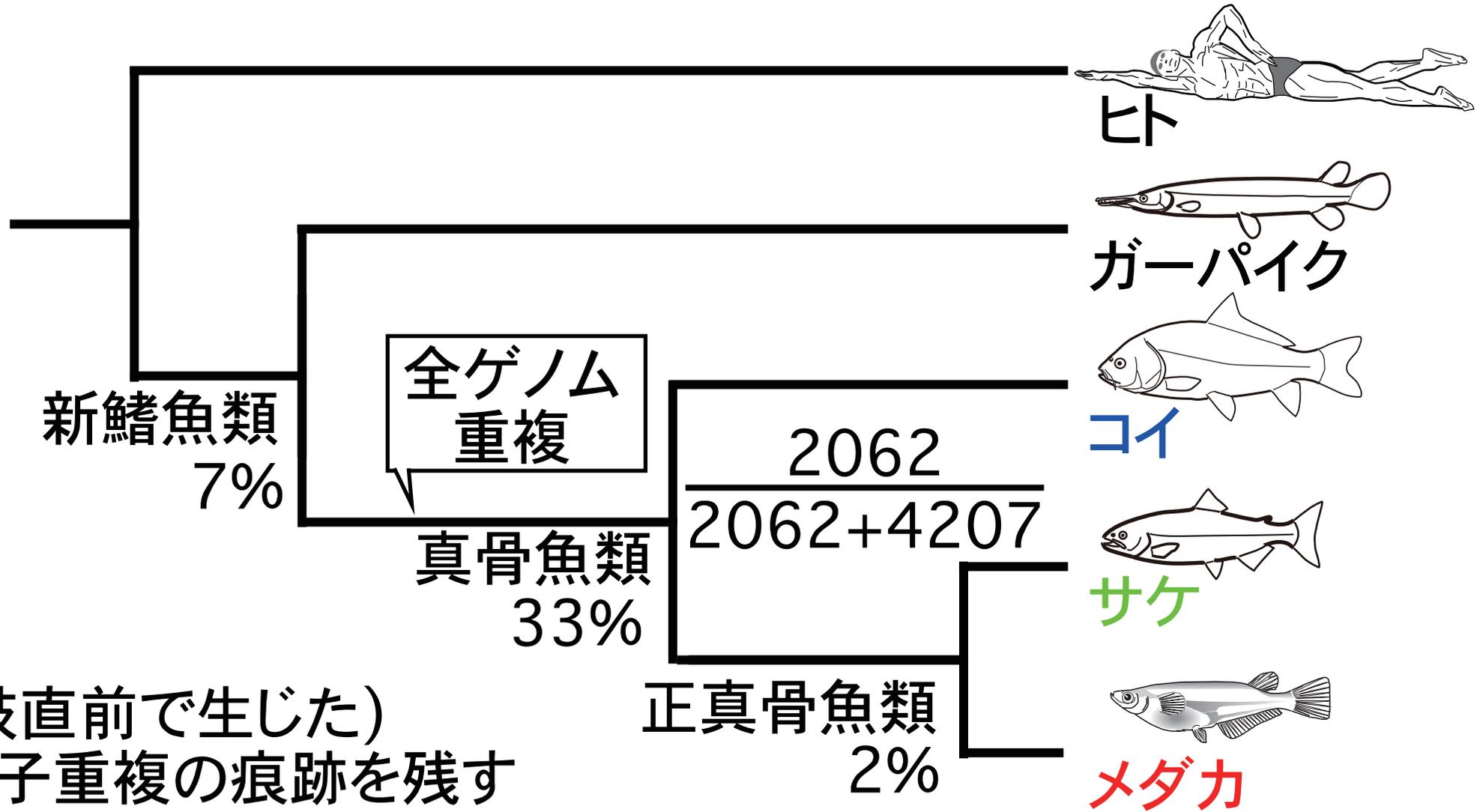
重複か種分化どちらか

2. 全ゲノム重複の検出



(分岐直前で生じた)
遺伝子重複の痕跡を残す
遺伝子の割合

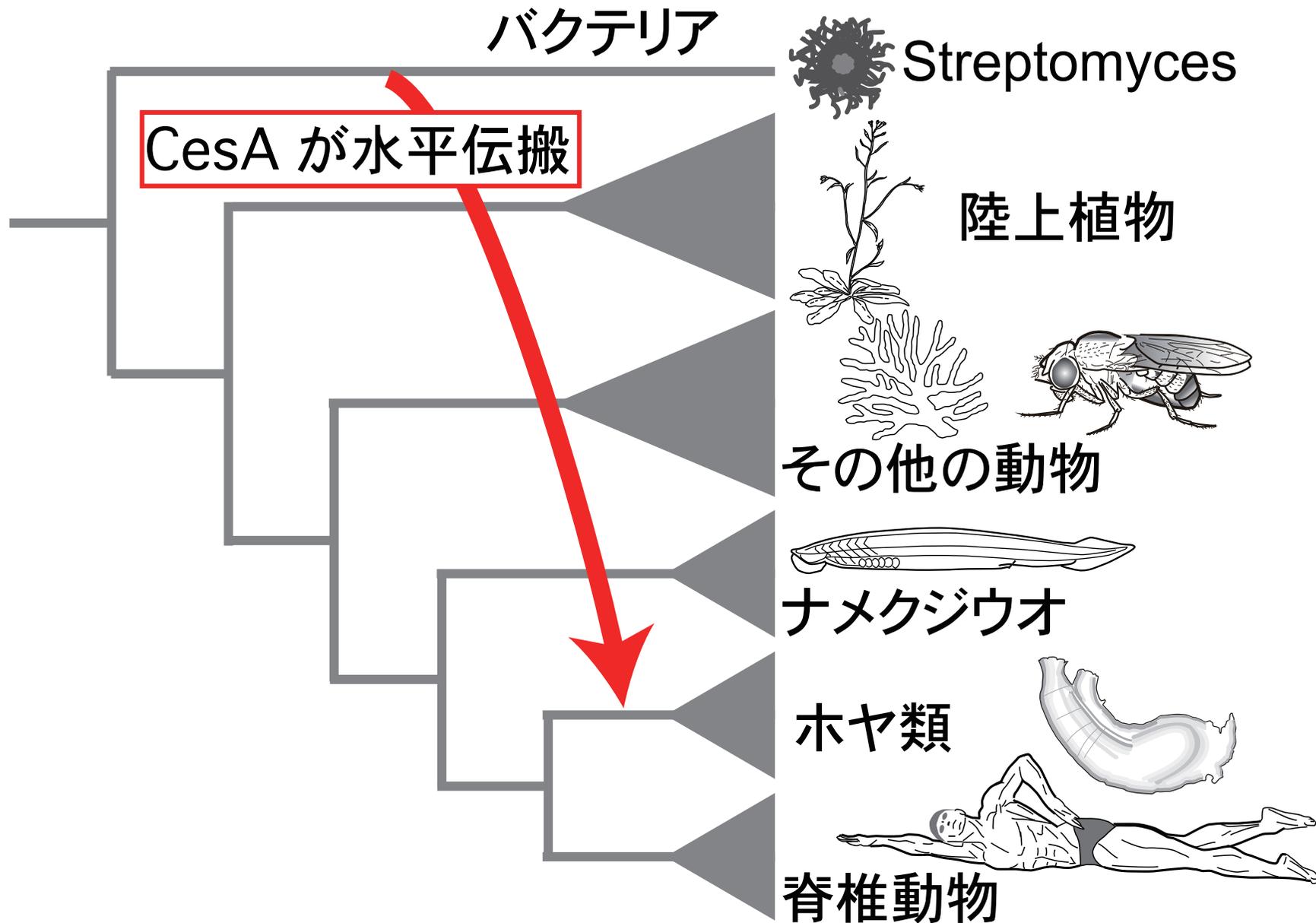
2. 全ゲノム重複の検出



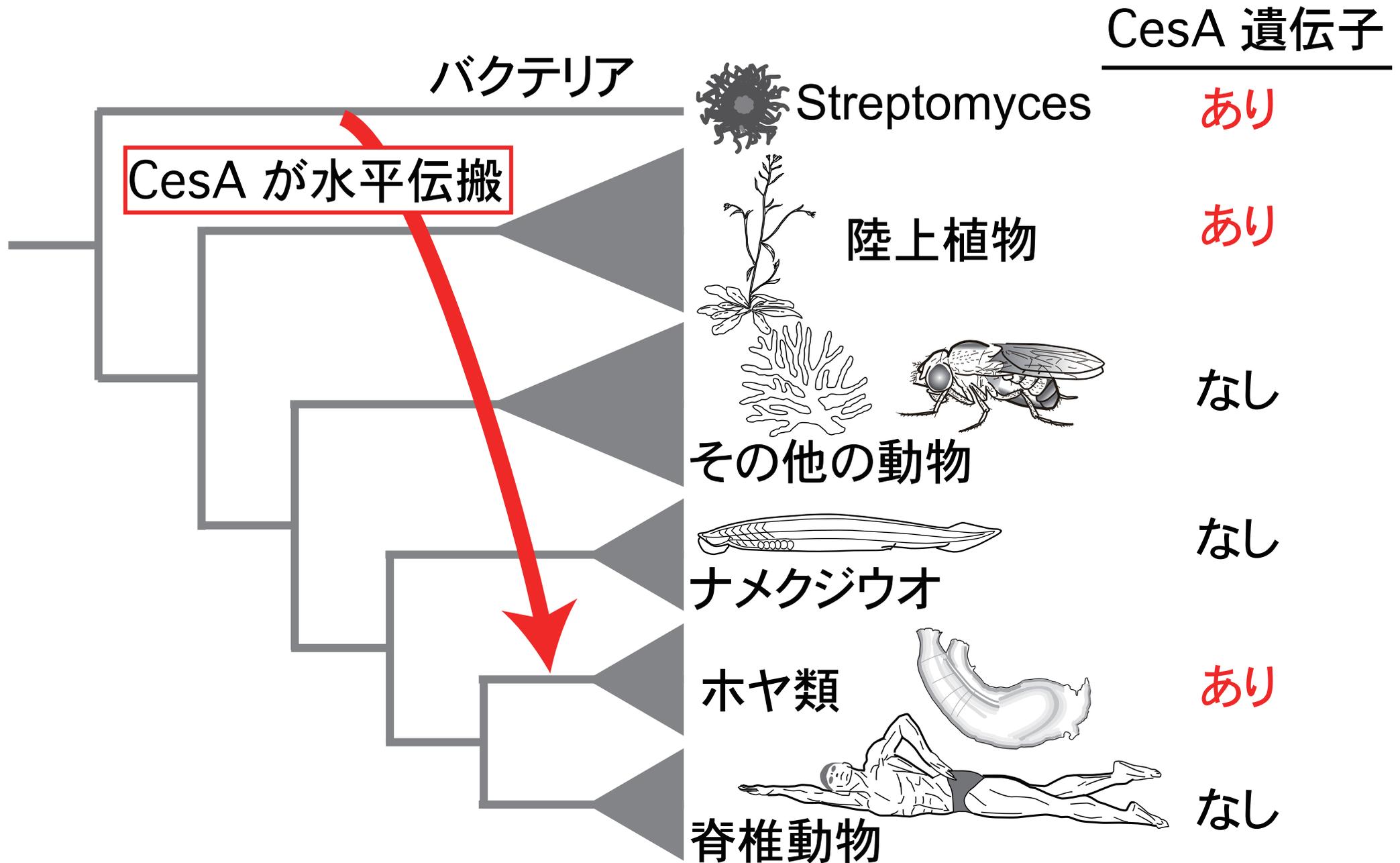
(分岐直前で生じた)
遺伝子重複の痕跡を残す
遺伝子の割合

検出に成功。祖先ゲノムの状態を比較。

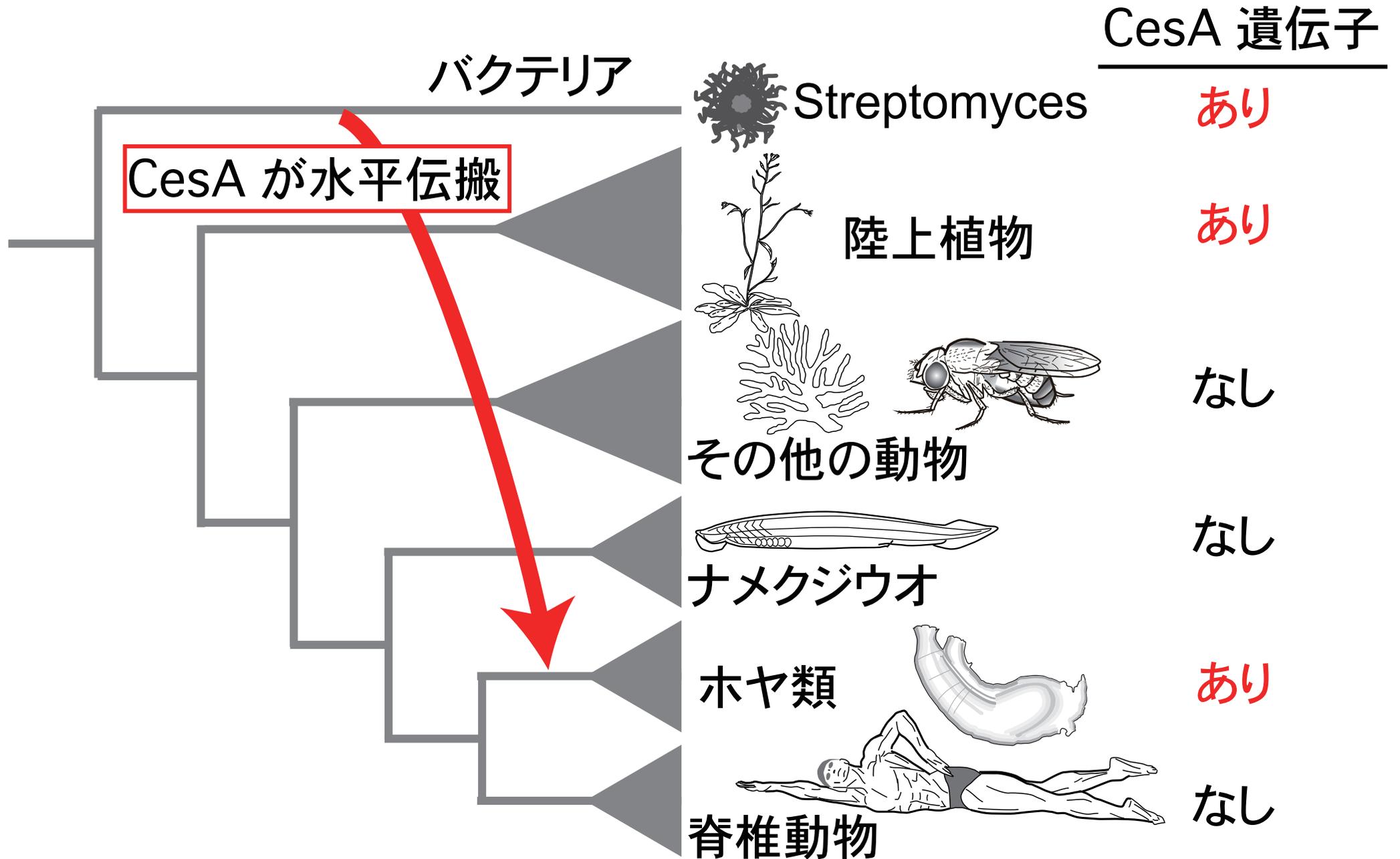
3. 水平伝播の検出



3. 水平伝播の検出



3. 水平伝播の検出



検出に成功。しかも、CesA 以外は伝搬していない。

ORTHOSCOPE* のまとめ

特徴

- ・ゲノムの歴史（祖先ゲノムの状態も）を推定できる。
- ・Web バージョンと併用できる。

ORTHOSCOPE* のまとめ

特徴

- ・ゲノムの歴史（祖先ゲノムの状態も）を推定できる。
- ・Webバージョンと併用できる。

問題点

- ・コマンドラインを使う程度の技術が必要。

Why GitHub? Enterprise Explore Marketplace Pricing Search Sign in Sign up

jun-inoue / orthoscope Watch 0 Star 3 Fork 2

Code Issues Pull requests Projects Wiki Security Insights

Join GitHub today
Dismiss
GitHub is home to over 36 million developers working together to host and review code, manage projects, and build software together.
Sign up

An automatic web tool for phylogenetic...

640 commits

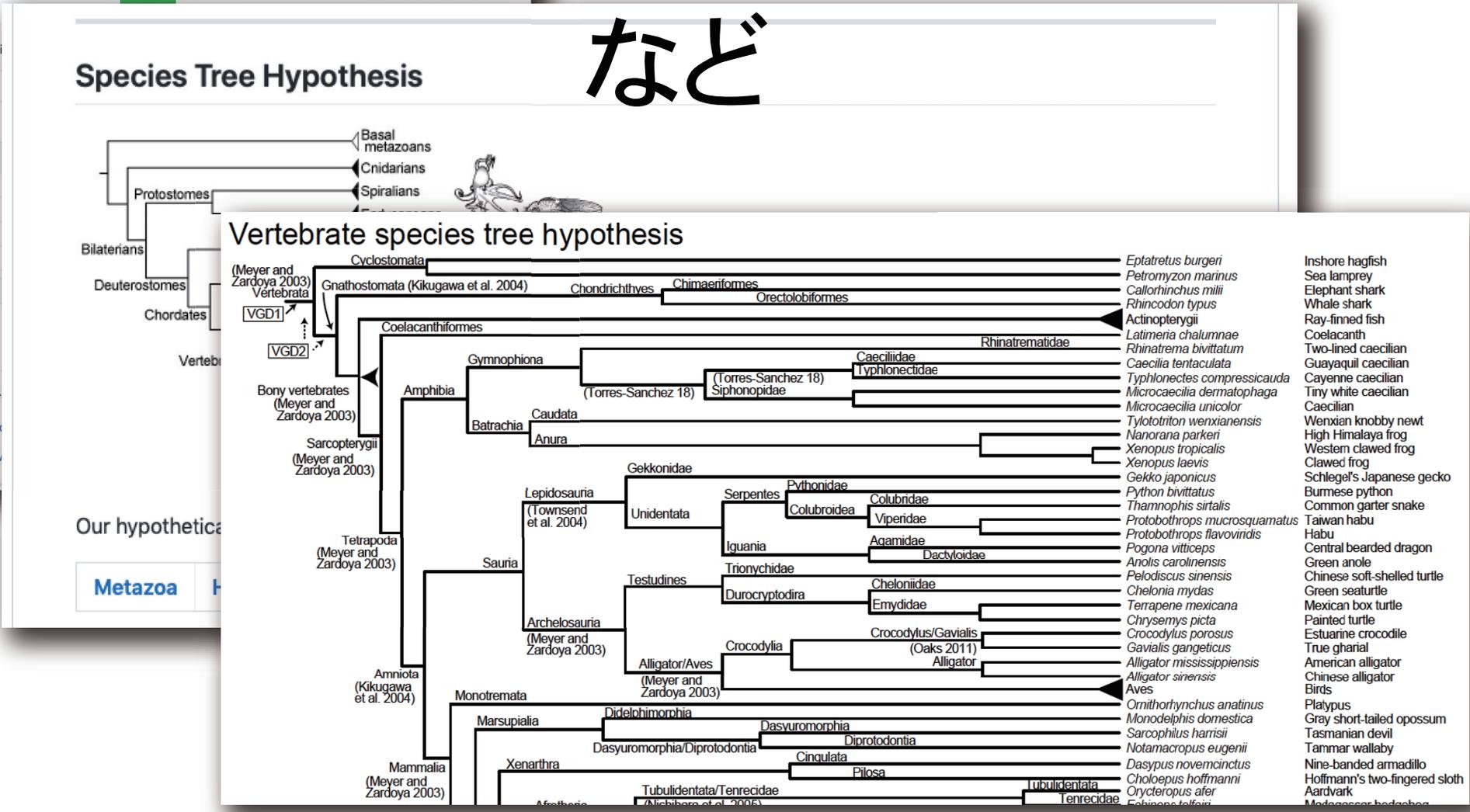
Branch: master New pull request

- jun-inoue a
- images
- tarfiles
- .DS_Store
- README.md

ORTHOSCOPE

Web service: <https://orthoscope.fish-evolution.org/>
Jan. 2019.
Mirror site: <http://www.fish-evolution.org/>
Japanese instruction: <http://www.fish-evolution.org/>

ORTHOSCOPE, dbCNS, 種の系統樹 など



ゲノムレベルで比較したい

ヒトゲノム

コード領域 (2%)

非コード領域 (98%)

1 遺伝子 (配列) の解析

ORTHOSCOPE

Inoue & Satoh (2019)

dbCNS

Inoue & Saitou (2021)

ゲノムレベルの解析

ORTHOSCOPE*

Inoue (2022)

—