

訂正

ヒトゲノムの初解読と解析

国際ヒトゲノム解読共同研究体

Nature 409, 860–921(2001)

ヒトゲノム配列解読に関する我々の論文の何か所かに、修正と、より明確な表現を要する部分がある。

著者を6名追加した。Pieter de Jong, Joseph J. Catanese, Kazutoyo Osoegawa(Department of Cancer Genetics, Roswell Park Cancer Institute, Buffalo, New York 14263, USA; 現在の所属: Children's Hospital Oakland Research Institute, 747 52nd street Oakland, California 94609, USA) および Hiroaki Shizuya, Sangdun Choi, Yu-Juin Chen (Division of Biology, California Institute of Technology, Pasadena, California 91125, USA)。配列決定に使われたBACライブラリ(表1)の構築にかかわった研究室と研究者である。このライブラリは以前に論文発表されていない。欠落したことは遺憾であった。

Nature 誌の www サイトにある補完情報を新しくした。原論文の補完情報に加えた変更については、この訂正の補完情報に示した。概要配列解読に使われた配列の決定にかかわった7名の著者名と79編の引用文献が追加されている。

表27に新規創薬ターゲットとなる18例の側系遺伝子を掲げたが、その後再検討したところ、インスリン様増殖因子1受容体遺伝子とカルシトニン類縁ポリペプチドアルファ遺伝子は正しくないとわかった。どちらの場合も、既知遺伝子の染色体上での配置を誤ったことが原因である。最初の例はJ. Englebrecht と C. Kristensen の指摘による(私信)。残りの16個のうち、電位依存型カルシウムチャンネル IGI_M1_ctg17137_10 とヘパラン N 脱アセチル酵素/N 硫酸基転移酵素 IGI_M1_ctg13263_18 は真の遺伝子である^{1,2}。

GenBank HTG 区分の配列のいくつかはマウスのもの(3万クローンのうち20あまり)であった。本論文で述べたようにこれらの配列は前処理で除去するようになっていたのだが、1個のクローンがヒトの配列中にまぎれ込んでいたことが判明した。現在は、この配列は除去されている(<http://genome.cse.ucsc.edu/>)。概要配列は不完全なものであり、改善するためのどのようなコメントも歓迎したい。

細菌遺伝子の水平伝播はかなりの議論をまき起こした³⁻⁵。113例のヒト遺伝子を細菌遺伝子の相合体として挙げたのだが、利用できる配列が増加するにつれ、いずれも正しくないと判明した。我々は本論文で、細菌からの水平伝播(HGT)と、ヒト以外の系列からの遺伝子喪失の2つの可能性を論じたが、これらを区別できるデータをもっていたわけではなく、あくまでも示唆である。

徹底的な解析結果は、大部分の例が遺伝子喪失で説明できることを示しており³⁻⁵、我々もこの意見には同意する。進化過程における水平伝播と遺伝子喪失の比率はほとんど知られていないので、この2つの可能性を最大節約法で区別することは不可能だと我々は信ずる。個々の遺伝子についての議論には、

より詳細な配列データが必要だろう。

他種のそれとわけてよく似たDNA転移因子が突然出現することから、脊椎動物ゲノムへの水平伝播が何度も起こったことは確実である。最近の例は真獣類の放散に伴い起こったものである(図19参照)。

LINE 因子の転移(本文 p. 887, 日本語版 p. 55)に関する重要な引用文献が欠落していた。引用文献番号205、206は Goodier *et al.*⁶ を含む。

図33の縦軸の単位は kb ではなく bp である。

図41の図説明は、「27個のドメイン群のおのおのについて、5種の真核生物プロテオームごとに同時に群に含まれる異なる Pfam ドメイン型の数。27群は、各プロテオーム中で最も共通性の高い10種を選んだ。データは……から始まる。

表22中の81,126は8,126である。

原文 p. 898, 右段 31 行目, 日本語版 p. 68 右段 9 行目以降, 「現在のところ知られているヒト遺伝子が全体をどの程度代表しているか」といった論点を削除し、この段落を以下のとおりとする。「ヒトゲノムから予測された遺伝子について議論する前に、ヒトの遺伝子数についての従来の見積もり、ハエや線虫から学んだ教訓に基づく背景の問題点を考察することは有用だろう。」

原文 p. 900 左段 38 行目, 日本語版 p. 71 左段 7 行目, 「(上を見よ)」を削除する。

配列編集プログラムについての議論を忘れていた。最も有用であったのが CONSED⁷ と GAP4⁸ である。

引用文献

- Burgess, D. L. *et al.* A cluster of three novel (Ca²⁺) channel gamma subunit genes on chromosome 19q13.4: Evolution and expression profile of the gamma subunit gene family. *Genomics* 71, 339-350 (2001).
- Aikawa, J. *et al.* Multiple isozymes of heparan sulfate/heparin GlcNAc N-deacetylase/GlcN N-sulfotransferase. Structure and activity of the fourth member, NDS4. *J. Biol. Chem.* 276, 5876-5882 (2001).
- Salzberg, S. L. *et al.* Microbial genes in the human genome: Lateral transfer or gene loss? *Science* 292, 1903-1906 (2001).
- Stanhope, M. J. *et al.* Phylogenetic analyses do not support horizontal gene transfers from bacteria to vertebrates. *Nature* 411, 940-944 (2001).
- Reelofs, J. & Van Haastert, P. J. M. Genes lost during evolution. *Nature* 411, 1013-1014 (2001).
- Goodier, J. L., Ostertag, E. M. & Kazazian, H. H. Transduction of 3'-flanking sequences is common in L1 retrotransposition. *Hum. Mol. Genet.* 9, 653-657 (2000).
- Gordon, D., Abajian, C. & Green, P. Consed: a graphical tool for sequence finishing. *Genome Res.* 3, 195-202 (1998).
- Staden, R., Beal, K. F. & Bonfield, J. K. The Staden package. 1998. *Methods Mol. Biol.* 132, 115-130 (2000).

補完情報(原論文の補完情報に加えた変更を含む)は Nature 誌ウェブサイト(<http://www.nature.com>)から入手できる。

[原文]

Correction: International Human Genome Sequencing Consortium, Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature* Vol.412 No.6846, p. 565–566 (2 August 2001)