

課題名 (タイトル) :

微生物遺伝子の大規模な分子系統学的解析

利用者氏名 : 井上 潤一

所属 : 筑波研究所 バイオリソースセンター バイオリソース整備事業 微生物材料開発室

1. 本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

微生物の分子系統学的解析に供される遺伝子配列情報は年々増大している。特に大規模配列解析プロジェクト等により取得された配列群について、配列ベースで分子情報を計算することは研究日程を組む上で律速になる。解析のためのソフトウェア及びハードウェアの高速化によってより演算を短時間に行うことによって研究の効率化が期待できる。

関係するプロジェクトにはシロアリ腸内原生生物の進化や代謝機能の解明が求められている。シロアリ腸内原生生物は培養が困難であるため、分子系統解析による進化の推定や機能遺伝子の推定を行っているが、より精度の高い解析を行うためには複数遺伝子の連結配列や DNA とアミノ酸の混成配列等を供するために近年ではより強力な計算能力が必要とされている。

2. 具体的な利用内容、計算方法

大量の遺伝子配列群を供し、系統関係の推定や機能遺伝子の推定を行った。系統関係の推定について、従来はベイジアン法を基礎アルゴリズムとした分子系統推定プログラムを用いて 100 万回程の計算を行っていたが、近年の学術的な評価には物足りなくなりつつあるため 1,000 万回まで計算回数を増やして計算を試みている。ベイジアン法以外には最尤法を基礎アルゴリズムとした分子系統推定プログラムの適用を試しており、いずれの方法においても MPI アーキテクチャの種類や使用コア、スレッド数の最適条件を構築した。

機能遺伝子の推定においては、複数のシロアリについて、腸内原生生物から RNA を抽出し、EST (Expressed Sequence Tags) 解析を行っている。イエシロアリ、オオシロアリについては腸内原生生物の cDNA ライブラリを構築し、それぞれ 1,800 クローン、100,000 クローンを解読、コウシュン

シロアリについては cDNA をショットガン法により 123,518,072 塩基を解読して解析に供している。データ量が膨大であるため、RICC に実装されている並列計算用 BLAST を用いた。

また、シロアリ腸内原生生物への遺伝子の水平伝播について推定を行っている。上記の EST 配列を供して細菌の遺伝子配列に対して相同性検索を行い、細菌から原生生物に水平伝播したと推定できる一群の配列を抽出した。

3. 結果

前年度までに最尤法を及びベイジアン法を基礎アルゴリズムとしたそれぞれの系統推定用プログラムを RICC に最適化し、15 倍以上計算時間を短縮することができた。

ベイジアン法による 100,000 万回の計算については RICC の簡易利用による制限時間では若干の計算時間の不足が見られた。

機能遺伝子の推定や水平伝播したと推定される配列の検索については使用コア数、スレッド数にほぼ比例するように計算速度が増大し、結果を得ることができた。

4. まとめ

昨年度までは分子系統進化推定用プログラムの最適化等の一つ一つ行ってきたが、本年度は大規模な配列群を用いて複数の高速な計算を行い、研究時間の効率化ができた。形態観察だけでは知り得ない情報を広い観点から取得することに成功した。

5. 今後の計画・展望

現在進行中のプロジェクトにおいて、今年度はシロアリ腸内原生生物の進化学的解析や酵素等の機能性タンパク質についての一次的な情報を得ることができた。今後はさらに多元的な解析を行って結果を細胞系にフィードバックし、シロアリ腸内微生物の生態を解明することを目指す。