

課題名 (タイトル) :

全ゲノム eQTL 解析

利用者氏名 : ○宮 冬樹, 森園 隆

所属 : 横浜研究所 ゲノム医科学研究センター 統計解析・技術開発グループ 情報解析研究チーム

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

本課題では、特別利用課題である S12002 (全ゲノム eQTL 解析) の実現可能性を探る為、その課題で使用する解析用プログラムの作成および実行時間の測定を行った。

全ゲノム eQTL 解析の具体的な研究の背景、目的については、特別利用課題である S12002 の報告書を参照されたい。

2. 具体的な利用内容、計算方法

まず、解析に使用する plink という既存のプログラムが RICC 上で正しく動作することを確認した。

次に、解析対象である約 3 万の遺伝子の内の 1 つを例として、それに組み合わせる約 600 万のゲノム変異との間でランダムな入れ替えを 1 万回行うという permutation test を実施し、プログラムの実行時間を測定した。

3. 結果

RICC の mpc の計算ノードのメモリサイズの制限により、600 万のゲノム変異をそのまま扱うことは出来なかったが、300 万ずつに 2 分割すれば計算自体は可能であることが判明した。

また、プログラムの実行時間については、1 つの遺伝子につき約 48 時間かかることを確認した。

4. まとめ

本課題による先行確認の結果、全ゲノム eQTL 解析自体は十分可能であることが判明した為、最終的な解析対象である約 3 万の遺伝子全体について同様の解析を実施する場合の見積もりを計算し、特別利用課題として改めて利用申請を行い、S12002 (全ゲノム eQTL 解析) として受理された。

具体的な成果に関しては、その特別利用課題である S12002 (全ゲノム eQTL 解析) の報告書を参照されたい。