

課題名 (タイトル) :

Activity analysis of transcriptional initiation

利用者氏名 : 川路 英哉

所属 : 横浜研究所 オミックス基盤研究領域 企業連携グループ 小分子 RNA 解析連携ユニット

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

ゲノムにコードされている遺伝情報が生体内で機能を果たす上での最初のステップは RNA への転写であり、その転写がどのように開始され制御されているのかは生命現象を探求する上で基本的ではありながら完全には理解されていない問題の一つである。

オミックス基盤研究領域で開発された CAGE(Cap Analysis Gene Expression)は転写開始点の活性をゲノムワイドかつ定量的に一塩基単位で測定する技術であり、CAGE を用いては乳類の細胞における転写開始点を網羅的に解析するための共同研究プロジェクト FANTOM5 を立ち上げた。このデータ解析を効率よく行うために本課題の申請を行った。

2. 具体的な利用内容、計算方法

具体的には独立成分分析等の多変量解析、各種のエンリッチメント解析等の統計解析を予定していた。

3. 利用がなかった場合の理由

RICC を用い解析プロセスを効率よく進める上で、二つの要因がハードルとなり本利用までは至らなかった。一つは、計算機環境の設定である。ゲノミクスのツールの多くはインターネット上でオープンソースとして公開されている様々なツールを利用することで効率よく解析を進めることができる。しかしながら、インターネットへ直接アクセスできるような設定になっていないことから、ツールを入手し設定するためには管理者への依頼事項が発生し、ターンアラウンドタイムがどうしても長くなってしまった。管理者の方には特定のアクセスを許可いただく等の丁寧な対応もいただいていたが、ツールが期待された結果を出力するかどうかを試すトライアンドエラーの効率性において限界があった。もう一つは、計算資源の込み具合である。非常に数多くのジョブが常時投げられていることから、自身のジョブが計算にかかるまで、やはりそれなりの

タイムラグが発生した。多面的な解析を行い、その結果を精査し、更なる解析を追加する、といった解析プロセスを進める上での効率性において限界があった。

今回の簡易利用は、実際の環境を理解し、どのような計算を RICC で行うのが効率的なのかを検討するという側面もあり、その意味では有効であったと思う。申請後、早々に利用できるよう計らっていただいたこと、またいくつかの面倒な質問に対応いただいたこと、について管理者の方々には感謝したい。適切な計算が必要になれば、またその時点で利用申請を行う予定である。