

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 : バイオリソースセンター 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。

今年度はシロアリ腸内に共生している原生生物及びその細胞外共生細菌、微生物材料開発室に保存されている微生物株のゲノムやトランスクリプトーム解析により取得された配列を用い、微生物の進化や代謝機能の解明を目的として研究を行った。また、Bacteroides 属細菌のゲノム情報を元に窒素固定に関連する遺伝子群の解析を行った。

シロアリ腸内にシロアリ腸内原生生物及びその共生体のゲノムまたはトランスクリプトームに関しては理化学研究所バイオマス工学研究プログラム、微生物材料開発室保有株のゲノム解析についてはナショナルバイオリソースプロジェクト、Bacteroides 属細菌のゲノムに関する研究についてはナショナルバイオリソースプロジェクト及び文部科学省科学研究費補助金による研究プロジェクトに関連するものである。

## 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 generation、最尤法による推定では 1,000 回のブートストラップ計算を行っていたが、近年の学術的な評価には不足なりつつあるためベイジアン法では 1,000 万 generation、最尤法では 1,000 回のブートストラップと計算回数を増やした。い

ずれの方法においても最適な計算条件を構築した。

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、コウシュンシロアリそれぞれから由来する配列群につい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 等を用いた。

カルチャーコレクション由来の微生物群について、Bacteroides 属及びその近縁微生物群の分子進化系統の推定を行った。窒素固定関連遺伝子群を抽出し、単独遺伝子配列または結合配列を用いて分子系統を推定した。分子系統の推定には RAxML の MPI バージョンや Parallel thread バージョンを用いた。

## 3. 結果

前年度に引き続き、ベイジアン法、最尤法を基礎アルゴリズムとしたそれぞれの系統推定プログラムを RICC に最適化したものを用いて計算時間を短縮化することができた。以前は簡易利用の制限時間内で処理できなかった計算が使用コア/スレッド数を増やして解消できた。

計算時間は使用コア数、スレッド数にほぼ比例するように計算速度が増大し、良好な結果を得ることができた。

## 4. まとめ

本年度は前年度に引き続き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、生化学情報だけでは知り得ない情報を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、今年度は窒素固定遺伝子等について重要な情報を得ることができた。今後は水素生成に関する遺伝子群の解析等を行っていく予定である。