

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。

関係するプロジェクトには前年度までのシロアリ腸内原生生物に加え、今年度はカルチャーコレクションにおける微生物ゲノム由来配列を用いた微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。また、カルチャーコレクションにおける微生物群については多くのゲノム配列の比較や抽出配列の分子進化の推定が必要であり、これら解析の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適用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最適な計算条件を構築した。

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、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。

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。

カルチャーコレクション由来の微生物群について、Bacreroides 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。機能遺伝子群の解析を現在進行中である。

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用プログラムを 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。

いくつかの計算は 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

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、生化学情報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ある程度多元的な情報を得た。カルチャーコレクション由来配列については引き続き多元的な情報獲得を目指す。