

Mudi・ワンクリックで酵母の変異点を同定

○飯田直子¹、飯田哲史²、中村保一¹

(¹ 国立遺伝学研究所・大量遺伝情報、² 国立遺伝学研究所・細胞遺伝)

順遺伝学的手法は、特定の表現型を持つ変異株の単離とその原因遺伝子変異の同定により未知の生命現象の分子的背景を明らかにすることができる研究方法です。これまで酵母を用いた研究では、多くの変異株が単離されクローニングされてきました。酵母ゲノム配列の決定により、DNA 配列から遺伝子機能を探る逆遺伝学的手法が簡便で網羅的解析が可能な手法として盛んになると、順遺伝学的手法は時間と労力がかかると敬遠されるようになりました。それでも、スクリーニングの自由度の高さや、1塩基の変異から遺伝子機能を探ることが出来る順遺伝学は、新たな発見をもたらす重要な手法であることに変わりありません。近年、次世代シーケンサー (NGS) の進歩により、全ゲノムシーケンスが身近になり、実験室単位での使用も可能になってきました。NGS による全ゲノムシーケンスとバイオインフォマティクス解析を活用した遺伝子変異点同定法は、特別なクローニング法のデザインの必要がなく、短期間で原因変異点を同定できる強力なアプローチになると考えられます。しかし、実験を主体とする研究者が、いざ次世代シーケンサーを使いバイオインフォマティクスツールを使いこなすとなると、敷居が高く容易に手を出せないのも事実です。その問題点の一つは、多くのバイオインフォマティクスツールは個々の目的に特化した仕様にはなっていないため、多少プログラム言語を理解し、いくつかのツールを組み合わせパラメーターを設定しなければならない点にあります。そこで、私たちは、「Web からワンクリックで変異同定解析が出来るバイオインフォマティクスツール“Mudi”」を構築・公開しました (Mudi; http://naoii.nig.ac.jp/mudi_top.html)。このツールは、サンプル調整に Linkage Analysis 法を組み合わせた場合、1回の戻し交雑により分離した変異株プールと野生型株のゲノムリシーケンスデータのセットを Web からアップロードし、One click するだけで一連の解析が実行され、短期間で効率的に変異点候補リストを E-mail で受け取ることができる Web ツールです。現在、Mudi はゲノム情報がよく整備されたモデル生物として、出芽酵母 (*S. cerevisiae*) と分裂酵母 (*S. pombe*, *S. japonicus*) を対象に公開をしています。また、多細胞生物のモデル生物である線虫も対象に拡張を開始しました。このシステムによって、遺伝学的解析が高速かつ網羅的に進められると期待しています。

皆さんも、研究を推し進めるのに、気軽に変異体スクリーニングをして NGS を使ってみませんか？