

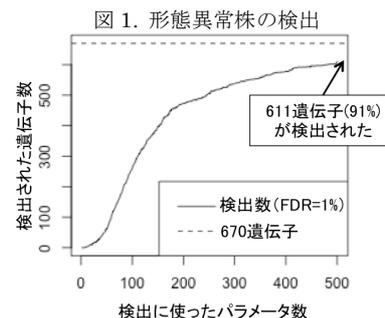
【序論】

出芽酵母の必須遺伝子は多くの重要な細胞プロセスに関与しており、その変異株の表現型解析は生命の基本システムの理解するために大きな貢献をしてきた。なかでも温度感受性変異(TS)は温度によって遺伝子機能をコントロールできるという点で優れており、多くの遺伝学的、細胞生物学的研究で利用されてきた。一方、出芽酵母の形態は細胞周期の進行や極性の形成、大きさの制御など様々な細胞内プロセスを反映していることが明らかになり、当研究室で開発された画像解析ソフト CalMorph を使って形態表現型を定量的に解析することが可能になった。細胞増殖に必須ではない非必須遺伝子については遺伝子欠損株の網羅的な表現型解析によって遺伝子機能と形態表現型の相関関係が明らかになったが(Ohya, Y. et al., 2005)、必須遺伝子については網羅的な解析はまだ行われていなかった。そこで本研究では新たに 670 の必須遺伝子を網羅する 774 の TS 株について、非制限温度で培養した細胞の形態情報を取得して表現型解析を行った。本研究で用いる必須遺伝子 TS 株セットは全出芽酵母必須遺伝子の約 60% をカバーしており、現在利用できるものとしては最大規模 (Zhijian, L. et al., 2011) (Ben-Aroya, S. et al., 2008) である。

【結果・考察】

1. 形態異常株の検出

野性型と有意に異なる形態異常を持つ TS 株を特定するため、全 501 形態パラメータにおいて一般化線形モデル (GLM) を用いて最尤推定した野性型の確立分布を求めた後に、TS 株の両側一標本検定を行った。その結果 611 遺伝子 (91%) の TS 株でいずれかのパラメータで形態異常が検出された (FDR=1%) (図 1)。



2. 既知の遺伝子機能と関連した形態情報の抽出

形態異常を示した TS 株において遺伝子機能と関連する形態成分を抽出するため、形態情報と既知の遺伝子機能情報 (Gene Ontology、GO) との間で正準相関分析 (CCA) を行い、遺伝子機能と相関し、かつ互いに独立した形態表現型を表す 35 の形態成分 (正準変量) を得た。各 GO へのアノテーションを水準として各正準変量の一元配置分散分析を行った結果、TS 株の遺伝子機能を表す 851GO 中、60.9% を占める

図 2. 正準変量と相関する GO の検出

