

東京大学大学院新領域創成科学研究科 情報生命科学専攻

修士論文要旨 2008 年 3 月提出

47-66961 古川 貴久

指導教員 浅井 潔 教授

## 題目：出芽酵母における新規機能性 RNA の探索

キーワード：機能性 RNA、出芽酵母

近年の数多くの目覚ましい研究成果から、機能性 RNA が生体において基本的な代謝から個体発生や細胞分化までの実に様々な生命現象に関与していることが発見され、これらは以前考えられていたよりもはるかに重要な役割を有すると考えられるようになってきている。本研究で解析対象とした出芽酵母は生物学の発展に常に重要な役割を担っているモデル生物であり、真核生物の基本的な性質を知る手がかりとなる生物である。この出芽酵母においてはゲノムの網羅的なタイリングアレイ解析や cDNA 解析などから、機能の不明なタンパク質をコードしない転写領域が数多く見つかっており、これらの領域において未知の機能性 RNA が存在する可能性が考えられる。本研究では、情報科学的なアプローチにより新規機能性 RNA の候補となる配列を探索するためのパイプラインを提案し、特に UTR について解析を行った。

まず、出芽酵母の全ゲノムのマルチプルアラインメントデータに対して MXSCARNA を実行することで、2 次構造を考慮したアラインメントデータを作成した。そして、それらを入力として RNAz を実行し、進化的に保存されていて熱力学的に安定な 2 次構造を持つ機能性 RNA 候補を 6211 配列特定した。その予測結果の領域について SGD のアノテーションデータとの重複を調べたところ、既知機能性 RNA の 53% に重複があったうえ、UTR には 591 配列の機能性 RNA 候補があった。次に、RNAz の実行結果で UTR に存在することが予測された機能性 RNA の候補配列を入力として、INFERNAL を実行し、既知の機能性 RNA との相同性において候補となる 44 配列を検出した。また、それらの候補配列を入力として LocARNA を実行することにより候補配列間の構造類似性を調べ、その結果に基づいて WPGMA でクラスタリングを行った。そして、そこで得られた全てのクラスターにおいて GO::TermFinder を実行した結果、各クラスター内の配列を UTR に持つ遺伝子が有意な数で共通の GO タームを持つクラスターを 68 個の GO タームで検出した。これらから得られた結果は情報科学的なアプローチによる予測ではあるが、出芽酵母の UTR において新規機能性 RNA の存在の可能性を示唆している。