

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 : 筑波研究所 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

近年、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の分子系統の計算は研究日程を組む上で律速になるが、より短期間に行うことによって研究の効率化が期待できる。

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た系統関係の推定及び複数遺伝子連結配列群を供した系統関係の推定。計算方法は最尤法や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による。

3. 結果

これまでに最尤法を基礎アルゴリズムとした RAxML (version 7.0.4) 及びベイジアン法を基礎アルゴリズムとした Mr bayes (version 3.1.2) の両プログラムを並列計算できる体勢を整えた。これら計算系の構築によって従来約 4 日要していた計算時間が約 12 時間に短縮された。

4. まとめ

大規模な分子系統学的解析を目指し、計算系を構築した。

5. 今後の計画・展望

現在進行中のプロジェクトから取得されるであろう遺伝子配列群を精査し、分子系統解析に供する配列群を選定し次第、計算を行う。

6. RICC の継続利用を希望の場合は、これまで利用した状況 (どの程度研究が進んだか、研究においてどこまで計算出来て、何が出来ていないか) や、継続して利用する際に行う具体的な内容

計算系を構築し、試験的に既知の遺伝子配列による系統解析を行った。微生物細胞実験系からの配列の選定が現在進行中である。

7. 利用研究成果が無かった場合の理由

計算に供する遺伝子配列群を選定することが必要であり、現在のところ配列群の選定を待つ必要があるから。

