

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、より短時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を行った。特に本年度は複数遺伝子連結配列群の系統推定を中心に行った。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。ベイジアン法に基づいた計算についてはMPICH及びOpenMPIの異なる2種類のMPIアーキテクチャを活用したコードをコンパイルし、計算系を構築した。RICCのprocオプション、threadオプションを活用し、最適な使用コア数の検討を行った。

3. 結果

これまでに最尤法を基礎アルゴリズムとしたRAxML(version7.0.4)及びベイジアン法を基礎アルゴリズムとしたMr bayes(version3.1.2)の両プログラムを並列計算できる体勢を整えた。Mr bayesを用いた計算では従来約90時間、昨年度末に約12時間要していた計算時間を約6時間に短縮した。計算結果については汎用のPC上の計算結果とも相違ないことを確認した。

4. まとめ

複数遺伝子連結配列群の分子系統学的解析を目指し、計算系を構築した。実際に計算を行い、計算結果が有意なものであることを確認した。

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、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、複数遺伝子連結配列群による系統解析を行った。一定の計算結果を得ることは達成し、計算時間を最適化することができた。微生物細胞実験系からの配列の選定が現在進行中であり、今後これまでの知見を活用して大規模計算を効率よく行っていく。

7. 一般利用で演算時間を使い切れなかった理由(簡易利用につき該当せず)

8. 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の選定に時間を要したため。また、並列計算のデバッグ等にも時間を要したため。現在上記報告の結果(複数遺伝子連結配列群の分子系統解析結果)を元に論文を投稿し、revise中である。次年度には成果として報告できると考えられる。