

菌類の系統解析
Phylogenetic analysis of fungi

信州大学農学部 齋藤勝晴

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、アツギケカビ目菌を含む菌類の全体のゲノムレベルでの系統解析を行った。アツギケカビ目はグロムス亜門とともに菌根共生の進化を考えるうえで重要な菌群であり、Bidartondo ら（2011）は、アツギケカビ目はグロムス亜門よりも祖先的な系統群であると提唱している。しかし、詳細な系統関係は不明である。そこで、ゲノム配列を用いて菌類を広くカバーする約 50 種を対象に系統解析を行った。オーソログ遺伝子を数百個抽出し、アミノ酸配列をもとに RAxML または Phylobayes を用いて最尤系統樹を作成した。アツギケカビ目とグロムス亜門はケカビ門に含まれ、さらにケカビ門はクサレケカビ亜門、グロムス亜門、アツギケカビ目、ウンベロプシス目、ケカビ目の順で分岐することが高い確率で支持された。今後はさらにアツギケカビ目菌類のゲノム構造について詳細に解析する予定である。

発表論文(謝辞あり)

なし

発表論文(謝辞なし)

なし