

生物システムの系統進化・群集生態

Phylogenetic evolution and community ecology of biological systems

順天堂大学 大学院医学研究科 生化学・生体システム医科学(医学部生化学第二講座)

鈴木 誉保

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、細菌形質(表現型、遺伝子群)の組み合わせ進化を解析した。昨年度までに進めてきた細菌の表現型の組泡進化について論文を submit した (under review)。さらに、この手法を細菌の遺伝子群の組み合わせ進化に拡張し解析を行った。この解析のために、GTDBr226 の細菌ゲノムを得て、KofamScan、InterProScan によりタンパク質群の解析をした。また、BayesTraits を利用し系統比較法による解析をした。

また、昨年度に開始したアメーボゾアのゲノムを利用して、タンパク質の InterProScan 解析を行った。さらに、トランスクリプトームデータを SRA より DL して *de novo assembly* 解析 (fastp, trinity, transdecoder) した。また、得られたタンパク質を利用して分子系統樹を作成した (MAFFT, trimAl, IQTREE)。

さらに、今年度開始した新たな研究として、真核生物のタンパク質の特徴づけを行った。まずは、NCBI proteins から fasta ファイルを収集し、InterProScan により解析した。

上記の解析は京大スパコンシステムが提供している、R、Singularity、InterProScan モジュールを利用している。