

生物システムの系統進化・群集生態

Phylogenetic evolution and community ecology of biological systems

東京大学大学院 新領域創成科学研究科 先端生命科学専攻 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、細菌表現型形質の組み合わせ進化を解析した。系統比較法により細菌表現型形質のマクロ進化パスウェイを明らかにした結果を利用して解析を行った。この解析で特定の表現型形質の組み合わせが重要であるとわかったため、系統比較法解析により系統的な種分化率・絶滅率を算出した。また、GTDB207 データベースを利用し、エンリッチメント解析を行い、進化した表現型形質において特有の遺伝子群を同定した。エンリッチメント解析で同定されて遺伝子群の相関進化について、系統比較法により解析し、系統相関ネットワーク構造を明らかにした。さらに、InterProScan を利用し、タンパク質スーパーファミリー・ファミリーを検出し、エンリッチメント解析・系統比較法解析を行った。また、UniProtのAPIを叩き、遺伝子情報を集めエンリッチメント解析に利用した。

次に、細菌表現型形質の隠れ状態の系統進化を解析した。系統比較法により隠れマルコフモデルを利用して形質の隠れ状態の進化を解析した。

また、今後の研究課題として、昆虫ゲノムを解析すべく、外部データベースからゲノムやCDS情報をwgetし、内容確認など解析準備を進めた。

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。