

1．課題名

環境微生物遺伝資源解析のための情報基盤の整備ならびに新規微生物探索手法の開発

2．代表者名

阿部 貴志（国立遺伝学研究所）

3．研究内容

本年度は、ニューラルネットワーク・アルゴリズム自己組織化マップ(SOM)法による、環境微生物ゲノムの多様性や新規性を推定するための新規な系統分類法、ならびに新規性の高い未知微生物ゲノムを効率的に探索するアルゴリズムのシステムの開発と開発したアルゴリズムに用いて、Sargasso 海由来の環境由来 DNA 配列を対象に解析を行い、開発した手法の検証を行った(論文投稿中)。また、開発した手法のシステム化の第一歩として、当研究室でこれまで開発を行ってきた比較ゲノム解析ツール G-InforBIO に、SOM によるゲノム断片配列解析を組み入れ、ゲノム配列に潜む生物種固有の特徴に基づくクラスタリングを行うことが可能となった。開発したプログラムは、以下の URL から公開を行っている(<http://wdcm.nig.ac.jp/inforbio/G-InforBIO/download.html>)。

SOM 法などによる塩基配列組成の解析に基づく微生物の同定および系統分類の研究・開発はこれまでなされておらず、世界に先駆けた未知微生物、あるいは難培養微生物の同定法および系統分類方法になることが期待される。