

【研究費区分】：②国際共同研究支援枠

【研究代表者所属】：理工学研究科・生命科学専攻

【研究代表者氏名】：田村 浩一郎

【研究代表者氏名フリガナ】：タムラ コウイチロウ

【研究代表者職】：教授

【国内研究分担者（所属,氏名,職）】

・該当なし

【国外研究分担者（所属,氏名,職）】

・テンプル大学, Sudhir Kumar, 教授

【研究課題名】：分子進化遺伝学解析ソフトウェア（MEGA）の開発

【研究実績の概要（600～800字程度で記入。図、グラフ等の使用も可。）】

・分子進化・分子系統解析は、進化生物学、系統分類学における基盤的研究手段であるが、近年、生命科学のあらゆる分野で利用され、医学や生命工学においても活用されている。このような背景から、研究代表者の田村と研究分担者の Kumar は、分子進化・分子系統解析の方法理論の研究および解析用ソフトウェアの開発を、共同で20年以上も行ってきた。近年、ハイスループット DNA 配列解析技術の急速な発展によって、これまでとは桁違いの量のデータが蓄積されるようになり、それら巨大データを対象とした新たな解析方法、解析ソフトウェアの開発が急務となっている。本研究では、巨大データのための解析技術を開発し、それらを実装することにより、MEGA ソフトウェアのさらなる発展をめざす国際共同研究を行った。

本年度は、通常の Skype を用いた方法に加え、本研究費を用いて6月に研究分担者の Kumar を日本に招聘し、12月に研究代表者の田村がテンプル大学に海外出張し、綿密な研究打ち合わせを通して共同研究を行った。具体的には、これまですでに開発済みの32bit Windows上で駆動するMEGA6のソースコードを全面的に見直し、64bit Windows上で駆動するMEGA7の開発を行った。その結果はWebページ上に公表し、同時に、*Molecular Biology and Evolution* 誌に論文を投稿し、アクセプトに至った（現在、印刷中）。MEGA7は、ただ単にMEGA6を64bit版に改編しただけではなく、遺伝子ファミリーに属する複数の遺伝子を含む系統樹でそれらの遺伝子が進化過程で生じた遺伝子重複を推定する Gene Duplication Wizard、RelTime 法により進化速度が系統によって異なる場合でも分岐年代測定を行うことが可能な Timetree Wizard を新たに実装した。また、系統樹のグラフィック表示アルゴリズムを改良し、5万本を超える配列の系統樹も高速に表示できるようにした。

【学会発表（発表題目、発表大会名、年月を記入）】

- ・ Transcriptomic response for cold adaptation in *Drosophila*. Germany & Japan Workshop on Evolutionary Genomics 2016 (2016年3月)
- ・ Molecular phylogenetic analyses using MEGA software. International Symposium on Evolutionary Genomics and Bioinformatics 2015 (2015年11月)
- ・ Evolution of the *immigrans* species group revealed by using big sequence data. SMBE 2015 (2015年7月)
- ・ Failure of phylogenetic tree reconstruction by heterogeneous substitution pattern among lineages and the method

for its recovery. *SMBE* 2015 (2015年7月)

- Ancient male recombination shaped genetic diversity of neo-Y chromosome in *Drosophila albomicans*. *SMBE* 2015 (2015年7月)
- Ancient male recombination shaped genetic diversity of neo-Y chromosome in *Drosophila albomicans*. *Evolution* 2015 (2015年6月)
- 集団・進化遺伝学から見た放射線の生物への影響 日本保健物理学会第48回研究発表会 (2015年7月)  
次世代データの系統解析 New Technology –プロローグ：次世代系統解析の問題と課題– 日本進化学会第17回大会 (2015年8月)
- 抗真菌耐性の異なるショウジョウバエ種間における比較トランスクリプトーム解析 日本進化学会第17回大会 (2015年8月)
- アカショウジョウバエの Neo-Y 染色体の進化における組換えの影響 日本進化学会第17回大会 (2015年8月)
- 進化パターンの変化による分子系統解析の歪みとデータフィルタリングによるその抑制 (2) 日本進化学会第17回大会 (2015年8月)
- キハダショウジョウバエ種内における抗菌ペプチド Drosomycin 遺伝子の分子進化 日本進化学会第17回大会 (2015年8月)
- Pooled RNA-Seq を用いたアカショウジョウバエ適応進化の検出 日本進化学会第17回大会 (2015年8月)
- ショウジョウバエ抗カビ免疫システムの種間比較解析 日本遺伝学会第87回大会 (2015年9月)
- アカショウジョウバエの Neo-Y 染色体の遺伝的多様性 日本遺伝学会第87回大会 (2015年9月)
- 進化パターンの変化による分子系統解析の歪みとデータフィルタリングによるその抑制 (2) 日本遺伝学会第87回大会 (2015年9月)
- キハダショウジョウバエ種内における抗菌ペプチド Drosomycin 遺伝子の多様性 日本遺伝学会第87回大会 (2015年9月)
- Pooled RNA-Seq を用いたアカショウジョウバエ適応進化の検出 日本進化学会第87回大会 (2015年9月)
- MEGA7 による分子系統解析 第196回農林交流センターワークショップ 農業環境技術研究所 (2015年10月)

**【論文発表又は著書発行 (発表題目, 著者, 発表誌又は出版社, 年月を記入)】**

- Ancient male recombination shaped genetic diversity of neo-Y chromosome in *Drosophila albomicans*. Satomura K, Tamura K. *Mol. Biol. Evol.* 33:367-374. (2016年2月)
- A molecular evolutionary reference for the human variome. Liu L, Tamura K, Sanderford M, Gray VE, Kumar S. *Mol. Biol. Evol.* 33:245-254. (2016年1月)
- Comprehensive identification of odorant-binding protein genes in the seed fly, *Delia platura* (Diptera: Anthomyiidae). Ohta S, Seto Y, Tamura K, Ishikawa Y, Matsuo T. *Applied Entomology and Zoology* 50:457-463. (2015年6月)

**【科学研究費補助金への応募状況, 採択状況】**

- 基盤研究 (B) 採択: 平成24年度~平成27年度 (分担)

- ・基盤研究 (B) 採択：平成 26 年度～平成 28 年度 (代表)
- ・挑戦的萌芽研究 採択：平成 27 年度～平成 28 年度 (代表)
- ・新学術領域研究 申請 (不採択)：平成 27 年度～平成 31 年度 (代表)

**【国等の提案公募型研究費，企業からの受託研究費・共同研究費の獲得状況】**

- ・該当なし

**【受賞等】**

- ・該当なし

**【その他社会貢献】**

**[公的審議会・委員会等の公的貢献，生涯学習支援・普及啓発，国際貢献・国際交流等]**

- ・該当なし

**【研究成果による特許等の工業所有権の出願・取得状況】**

**(工業所有権の名称,発明者,権利者,工業所有権の種類・番号,出願年月日,取得年月日)**

- ・該当なし

**【研究分担額】**

**(研究代表者・分担者名,所属,金額 (円))**

- ・田村浩一郎，首都大学東京，800,000 円
- ・Sudhir Kumar, テンプル大学, 0 円