

計算機を用いた麹菌ゲノム解析による有用遺伝子探査手法の開発とその応用

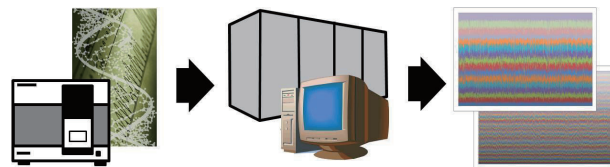
キーワード 遺伝情報解析/オミクス解析/データマイニング/バイオデータベース/分子進化



研究概要

麹菌を用いた発酵産業が古くから栄えている一方で、有用物質の生産や生産過程については職人の経験に頼ることが多く、麹菌の持つそれら能力についての詳細は未解明である。そこで有用物質の生産過程やそれに関わる物質(酵素)を解明し、麹菌の持つ能力を知ることにより有用物質の生産効率の向上などが期待されている。

本研究では麹菌の遺伝子配列をゲノムシグネチャーと呼ばれる生物種の特徴を塩基配列の組成により表す指標を用いた解析により特徴的な塩基組成パターンを検出し、マイクロアレイ実験より各遺伝子の発現パターンを比較することにより、有用物質の生産に関わる塩基組成パターンを特定することを行っている。



ゲノム解析により得られた大量の配列は文字情報であり、計算機を用いてその文字情報を確率統計の処理することにより、遺伝情報だけではなく「隠された」生命現象に関わる情報を検出する技術を確率する。

今後の展開やメッセージ

次世代シーケンサの登場以来、生物分野にもビッグデータ時代が到来し、大量のデータを上手に処理する技術が必要となっています。ご興味のある方はお気軽にご連絡ください。

研究者情報



相良 純一 准教授・博士(農学)

バイオ・化学部 応用バイオ学科
所属研究所：ゲノム生物学研究所、
地方創生研究所

研究者情報URL

<https://www.kanazawa-it.ac.jp/kyouinroku/a/AEAC.html>
<https://researchmap.jp/jun-ichi.sagara>