

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 6 年 5 月 31 日現在

機関番号：12601

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2019～2023

課題番号：19H05688

研究課題名（和文）機能インフォマティクスが解き明かすポストコッホ生態系

研究課題名（英文）Post-Koch Ecosystem revealed by Functional informatics

研究代表者

松井 求（Matsui, Motomu）

東京大学・大学院新領域創成科学研究科・特任助教

研究者番号：10803728

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 69,800,000円

研究成果の概要（和文）：輪作圃場から緻密な時系列データや多様な環境コンテキストデータを取得し、最終的に新たなポストコッホ機能生態系モデルを構築することができた。本モデルから生態系が環境攪乱に対して非常にロバストであることが明らかになり、また適切な施肥が土壌生態系の安定性を保つために重要であることも分かった。また、そのロバストネスを支える近縁種間の競争やプラスミドファージとの攻防、形質テンプレートへの強い収斂圧力などといった要因も明らかになった。他にも、炭素固定・窒素代謝と施肥の関係や、Generalist戦略とSpecialist戦略の分化、200以上の新種ゲノムなど多くの重要な知見を得ることができた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

モデル圃場から4年もの長期にわたって取得した、緻密な時系列アンプリコンシーケンスデータ、大規模ショットガンメタゲノムデータ、詳細な土壌性状データは微生物生態学において類を見ない規模かつ多様なメタデータを含むものであり、今後、当該分野におけるモデルデータとして広く活用されることが期待される。また、Graph Splitting法やNeTaGFT法、逆相関ネットワーク解析法といった我々が開発した新規ネットワーク解析手法は、汎用的な情報解析技術としても新規性があるため、生物学に限らず分野外の幅広い分野において転用されていくことが期待される。

研究成果の概要（英文）：By obtaining dense time-series NGS data and diverse environmental context data from crop rotation plots, we finally constructed a novel Post-Koch functional ecosystem model. The model revealed that the ecosystem is highly robust to environmental perturbation and that appropriate fertilizer application is important for maintaining soil ecosystem stability. Several factors such as competition among closely related species, offensiveness against plasmid phage, and strong convergence pressure on the trait template were also revealed to support this robustness. Many other important findings were also obtained, including the relationship between carbon fixation, nitrogen metabolism, and fertilizer application, the differentiation between Generalist and Specialist strategies, and more than 200 novel species genomes.

研究分野：バイオインフォマティクス

キーワード：バイオインフォマティクス 微生物ダークマター ポストコッホ生態系 データベース 機能インフォマティクス ネットワーク解析 微生物生態 メタゲノム解析

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

様式 C - 19、F - 19 - 1 (共通)

1. 研究開始当初の背景

地球の生態系は、多様な生物種と地球表層環境(土壌、海洋、大気)が相互作用することで絶妙なバランスを保ち、恒常性を維持してきた。特に微生物は、あらゆる環境に存在し、地球上に存在する全バイオマスの実に半分以上をしめ、物質循環の根本を担っている。従って、生態系の恒常性を地球規模で理解するためには、多様な環境中に生息する微生物を網羅的に明らかにしていくことが必要不可欠である。近年のDNA配列解析装置の急速な進歩は、培養困難な微生物のゲノムに由来するものも含めた膨大なDNA配列データ(メタゲノムデータ)を得ることを可能にし、実際にEarth Microbiome Project (Gilbert et al. 2014)に代表される大小様々な数多くのプロジェクトによって培養困難微生物を含む生態系を構成する全微生物の詳細な組成データが大量に蓄積され続けている。しかしながら、こうして蓄積されたメタゲノムデータは機能「既知」遺伝子の数を飛躍的に増大させてはいるものの、実はメタゲノムデータの大部分は機能「未知」遺伝子で占められており、それらの情報は有効に活用できず捨てられてしまっている。生態系を真に理解するためには、このような機能「未知」遺伝子が存在することによって我々が見ることができていない「ブラックボックス」を可視化し、それらが果たす役割を理解しなくてはならない。これは情報学・生態学・微生物学の重要な未解決問題となっており、未分離・未培養の微生物の解析技術(ポストコッホ技術)の創成および機能「未知」遺伝子の機能を推定する情報処理技術(機能インフォマティクス)の開発の2つが、この問題を突破するためのブレイクスルーとなる。

2. 研究の目的

本研究では、各班と綿密に連携をとりながら、これまで未解明だった微生物種を含めたゲノム・メタゲノム・メタボローム・環境コンテキスト・微生物生理機能等を網羅した過去最大規模の情報を集積する。そして「ポストコッホ機能生態系モデル」の創成に向け、集積された情報へネットワーク理論に基づく新規情報解析手法を適用する。この手法を用いることで、例えば「環境シミュレーションに微生物と環境の相互作用を加えることで予測精度を大幅に向上させる」ことが可能となる。また、本領域は、全班をあげて未分離・未培養だった微生物種の解析を可能にする「ポストコッホ機能生態学」を確立し、そこで得られた膨大かつ多様な情報に基づき「微生物の生理機能に裏付けられた新たな生態系(ポストコッホ機能生態系)」を理解することを目指している。本計画班では、バイオインフォマティクスを専門とする申請者が、領域の全ての研究班と連携して研究成果を集約し、複合的解析を推進していくという「共同研究ネットワークのスーパーハブ」の役割を果たすことも重要な目的となる。

3. 研究の方法

本研究計画ではまず、生態学と情報学の新たな複合領域である「機能インフォマティクス」を創成する。本領域が収集する情報は(i)環境コンテキストと微生物メタゲノムの相関、(ii)微生物機能情報に紐づけられた個々の微生物種のゲノム情報、(iii)メタボロームと代謝パスウェイ遺伝子の共起関係といったように従来の解析に用いられる情報よりも圧倒的に多様かつ多量である。そこで、高次元・大規模な環境コンテキスト情報から「微生物が発現する機能と環境の相関」を明らかにするための新たな情報処理技術を開発する。次に、集積された情報に開発した技術を適用し、領域が設定するモデル圏場のポストコッホ機能生態系モデルを創成する。具体的な戦略を以下に示す。

- (1) 機能インフォマティクスの創成を目指し、申請者がこれまでに開発した技術を用いて、(1-1) ネットワークから階層的な関係を取り出す手法、(1-2) 遺伝子や生物種の多項間の関係を抽出する手法、(1-3) 大量の機能未知遺伝子を含むメタゲノムデータから機能遺伝子ユニットを効率よく推定する手法、の3つの手法を開発・検証する。また総括班と共同で、(1-4) 微生物生理機能の情報(Bergey's manual)のデジタル化、データベース化を進める。これはメタ微生物を理解するための領域全体の基盤となる。さらに、(1-5) 理工学分野(A01-1~3) 微生物・機能分野(A01-4~6) 生態・機能分野(A02-1, 2) から得られたメタゲノム、微生物相互作用、生理機能プロファイリング、代謝パスウェイ、環境コンテキストの情報を遺伝子データの上に統合し、(1-1)~(1-4)で開発した技術を駆使しデータベースを構築する。そしてA02-2班と連携して(1-6)モデル圏場から環境コンテキストとメタゲノムデータを取得する。それらの情報と(1-5)で構築したデータベースを駆使し、メタ共起ネットワークを構築する。
- (2) (1-5)と(1-6)で得られた「既存の有用種や遺伝子と関連の深い新規微生物種や新規遺伝子」の情報を元に、モデル圏場のポストコッホ機能生態系を構築する。さらに、領域の各計画班と共に、得られた微生物種や遺伝子等の相関(共起)を生態学・微生物学的に解釈し、これらを実証実験によって解明する。微生物種間(A02-1,4)細胞内代謝遺伝子クラスター(A01-5)微生物種とメタボローム(A02-2)等が、具体的な相関として想定される。難培

養性細菌種と共起する微生物種の情報を利用した可培養化 (A01-4) の効率向上も期待できる。これらの結果をもとに、モデル圃場の第二世代の「ポストコッホ機能生態系モデル」を構築する。

4. 研究成果

まず、機能インフォマティクスという解析アプローチを可能にするために、Graph Splitting 法 (*Systematic Biology*, 2020) NeTaGFT (*Methods in Ecology and Evolution*, 2023) Seq2Phase (*Bioinformatics Advances*, 2024) AlphaCutter (*Proteomics*, 2023) Evodictor (*Science Advances*, 2023) ProkAtlas (*iScience*, 2020) Bac2Feature (*日本微生物生態学会誌*, 2022) といった新たな手法やデータベースを構築した。また、さまざまな領域内連携を行い、例えば、A01-2: ラマン分光を用いた *de novo* 微生物識別のための機械学習や情報解析 (*iScience*, 2021; *STAR Protocols*, 2022) A01-4: 単離された菌株の圃場における時空間的な分布の解析、A01-5: 圃場のショットガンメタゲノム解析による圃場のアーキア種のリストを作成、A01-6: 放線菌の RNA-seq・TSS-seq 解析により転写開始点の網羅的な決定、A02-1: プラスミド保持株識別のための、ラマン分光データの機械学習、A02-2: ソバ等作物栽培圃場データの統合解析 (*Scientific Reports*, 2024) A02 公: 逆インジグモデルに基づく遺伝子機能解析手法の構築に向けた圃場のデータ解析、A02 公: 根圏・非根圏の微生物モデルの構築に向けた統計モデルの提案、などといった成果を上げることができた。

次に、上記で開発した手法群や共同研究の成果を、領域が集積した膨大なデータへ適用することで、「ポストコッホ機能生態系モデル」の創成を試みた。最終的に完成した生態系モデルは、4年8作の輪作体系からなる圃場の上に構築したものであり、緻密な時系列データや多様な環境コンテキストデータを含む、世界でも類を見ない大規模なモデルである。本モデルの観察結果から生態系が持つ様々な特性や機能が明らかになった。特に重要な特性の一つは、生態系が農薬散布などの攪乱に対して非常にロバストであることである。そして、そのロバストネスは施肥状況によって大きく異なり、適切な施肥が土壌生態系の安定性を保つために重要であることが分かった。また、そのロバストネスを支える様々な要因も明らかになった。第一の要因は細菌叢の高い流動性である。驚くべきことに、四年間を通じてコンスタントに1ヶ月ごとに10~40%の種が入れ替わっていた。この流動性の原動力は、近縁種間の排他的な競争関係やファージとの攻防であることが示された。第二の要因は形質組成の安定性である。全球規模メタゲノム解析から、環境ごとに細胞形状・運動性・好気性・芽胞形成能などといった形質の比率は著しく収斂していることが明らかになった。そして、この「形質テンプレート」への強い収斂圧力が、種組成を安定させ、細菌叢をロバストにしている、という新たな生態系像が示された。本モデルからは他にも、炭素固定・窒素代謝と施肥の関係や、Generalist 戦略と Specialist 戦略の分化、200以上の新種ゲノムなど多くの重要な知見が得られており、今後、標準的な生態系モデルとして幅広い研究者コミュニティに普及するものと考えている

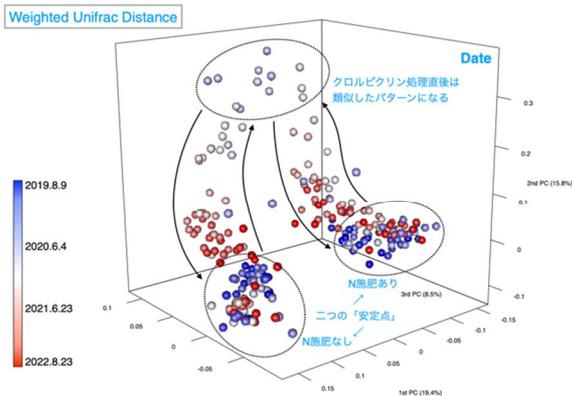


図 1: 輪作圃場のロバストネス

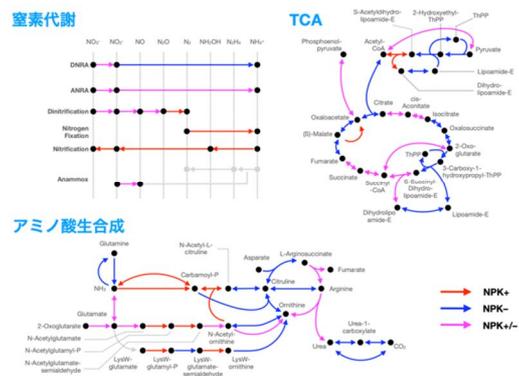


図 2: 群集代謝型のダイナミクス

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計16件（うち査読付論文 15件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 15件）

1. 著者名 Tam Chunlai、Iwasaki Wataru	4. 巻 23
2. 論文標題 AlphaCutter: Efficient removal of non globular regions from predicted protein structures	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 PROTEOMICS	6. 最初と最後の頁 e2300176
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/pmic.202300176	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Miyata Kazuki、Iwasaki Wataru	4. 巻 4
2. 論文標題 Seq2Phase: language model-based accurate prediction of client proteins in liquid-liquid phase separation	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Bioinformatics Advances	6. 最初と最後の頁 vbad189
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioadv/vbad189	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Matsumoto Hirotaka、Matsui Motomu	4. 巻 15
2. 論文標題 NeTaGFT: A similarity network based method for trait analysis	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Methods in Ecology and Evolution	6. 最初と最後の頁 153 ~ 163
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/2041-210X.14251	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Kanno Nanako、Kato Shingo、Ohkuma Moriya、Matsui Motomu、Iwasaki Wataru、Shigeto Shinsuke	4. 巻 3
2. 論文標題 Nondestructive microbial discrimination using single-cell Raman spectra and random forest machine learning algorithm	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 STAR Protocols	6. 最初と最後の頁 101812 ~ 101812
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.xpro.2022.101812	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Suzuki Takao K., Matsui Motomu, Sriswasdi Sira, Iwasaki Wataru	4. 巻 2569
2. 論文標題 Lifestyle Evolution Analysis by Binary-State Speciation and Extinction (BiSSE) Model	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Methods in Molecular Biology	6. 最初と最後の頁 327 ~ 342
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-1-0716-2691-7_16	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Mise Kazumori, Iwasaki Wataru	4. 巻 2
2. 論文標題 Unexpected absence of ribosomal protein genes from metagenome-assembled genomes	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 ISME Communications	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s43705-022-00204-6	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Konno Naoki, Iwasaki Wataru	4. 巻 9
2. 論文標題 Machine learning enables prediction of metabolic system evolution in bacteria	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Science Advances	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1126/sciadv.adc9130	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Fukunaga Tsukasa, Iwasaki Wataru	4. 巻 38
2. 論文標題 Mirage 2.0: fast and memory-efficient reconstruction of gene-content evolution considering heterogeneous evolutionary patterns among gene families	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 4039 ~ 4041
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioinformatics/btac433	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Fukunaga Tsukasa, Iwasaki Wataru	4. 巻 38
2. 論文標題 Inverse Potts model improves accuracy of phylogenetic profiling	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 1794 ~ 1800
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioinformatics/btac034	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Konno Naoki, Kijima Yusuke, Watano Keito, Ishiguro Soh, Ono Keiichiro, Tanaka Mamoru, Mori Hideto, Masuyama Nanami, Pratt Dexter, Ideker Trey, Iwasaki Wataru, Yachie Nozomu	4. 巻 40
2. 論文標題 Deep distributed computing to reconstruct extremely large lineage trees	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Nature Biotechnology	6. 最初と最後の頁 566 ~ 575
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41587-021-01111-2	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Kanno Nanako, Kato Shingo, Ohkuma Moriya, Matsui Motomu, Iwasaki Wataru, Shigeto Shinsuke	4. 巻 24
2. 論文標題 Machine learning-assisted single-cell Raman fingerprinting for in situ and nondestructive classification of prokaryotes	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 102975 ~ 102975
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2021.102975	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 松井 求	4. 巻 2
2. 論文標題 分子系統解析の最前線	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 JSBi Bioinformatics Review	6. 最初と最後の頁 30 ~ 57
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.11234/jsbibr.2021.7	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 松井 求	4. 巻 37
2. 論文標題 パイオインフォマティクスでポストコッホ生態系を解き明かす	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 日本微生物生態学会誌	6. 最初と最後の頁 37 ~ 39
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.20709/jsmeja.37.1_37	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Fukunaga Tsukasa, Iwasaki Wataru	4. 巻 38
2. 論文標題 Inverse Potts model improves accuracy of phylogenetic profiling	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 1794 ~ 1800
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioinformatics/btac034	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Fukunaga Tsukasa, Iwasaki Wataru	4. 巻 1
2. 論文標題 Mirage: estimation of ancestral gene-copy numbers by considering different evolutionary patterns among gene families	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Bioinformatics Advances	6. 最初と最後の頁 vbab014
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioadv/vbab014	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Matsui Motomu, Iwasaki Wataru	4. 巻 69
2. 論文標題 Graph Splitting: A Graph-Based Approach for Superfamily-Scale Phylogenetic Tree Reconstruction	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Systematic Biology	6. 最初と最後の頁 265-279
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/sysbio/syz049	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計23件（うち招待講演 7件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 松井求
2. 発表標題 微生物ダークマターは今何色か？
3. 学会等名 第35回 日本Archaea研究会（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 松井求
2. 発表標題 バイオインフォマティクスが駆動する微生物学
3. 学会等名 MPIP “有機・バイオ材料拠点” セミナー（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 松井求
2. 発表標題 分子系統学の進化可能性を考える
3. 学会等名 Intelligence and Cultural Evolution Theoryワークショップ（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 松井求
2. 発表標題 Tree of Lifeは完成できるか？
3. 学会等名 IIBMP2023（招待講演）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 松井求
2. 発表標題 未培養微生物研究におけるバイオインフォマティクスの役割
3. 学会等名 日本生物工学会バイオインフォマティクス相談部会第五回講演会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松井求、岩崎渉
2. 発表標題 機能インフォマティクスが解き明かすポストコッホ生態系
3. 学会等名 新学術領域「ポストコッホ生態」第4回領域会議
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 藤吉真生、鈴木誉保、松井求、岩崎渉
2. 発表標題 Bac2Feature：系統情報を利用した微生物の形質推定パイプライン
3. 学会等名 第24回日本進化学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松井求、岩崎渉
2. 発表標題 シン・近隣結合法：PANJEP法が問い直す系統解析の常識
3. 学会等名 第24回日本進化学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松井求
2. 発表標題 系統樹推定の常識を問い直す
3. 学会等名 国立遺伝学研究所研究集会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松井求
2. 発表標題 ポストコッホ機能生態学が目指すもの
3. 学会等名 ポストコッホ生態研究集会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 鈴木誉保、松井求、森ヶ崎進、大津徹生、土肥裕希、林久喜、高谷直樹、岩崎渉
2. 発表標題 微生物群集は普遍的に極めて安定な形質組成を持つ
3. 学会等名 第60回日本生物物理学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 松井求、明石基洋、鈴木誉保、藤吉真生、土肥裕希、森ヶ崎進、林久喜、高谷直樹、岩崎渉
2. 発表標題 ポストコッホ生態学が解き明かす輪作に呼応した微生物動態
3. 学会等名 第35回日本微生物生態学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 藤吉真生、鈴木誉保、松井求、岩崎渉
2. 発表標題 Bac2Feature による微生物群集の表現型解析
3. 学会等名 第35回日本微生物生態学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 鈴木誉保、松井求、森ヶ崎進、大津厳生、土肥裕希、河野祐介、林久喜、高谷直樹、岩崎渉
2. 発表標題 Trait-based アプローチでせまる 細菌の群集構造とその安定性
3. 学会等名 第35回日本微生物生態学会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Motohiro Akashi, Motomu Matsui, Susumu Morigasaki, Hisayoshi Hayashi, Naoki Takaya, and Wataru Iwasaki
2. 発表標題 施肥条件の異なる農地土壌の時系列ショットガンメタゲノム解析
3. 学会等名 日本微生物生態学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Motomu Matsui
2. 発表標題 パイオインフォーマティクスが解き明かすポストコッホ生態系
3. 学会等名 IIBMP2021
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Motomu Matsui
2. 発表標題 アラインメントで問い直す系統樹推定の常識：GS法とNJ法
3. 学会等名 第23回日本進化学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Motomu Matsui and Wataru Iwasaki
2. 発表標題 機能インフォマティクスが解き明かすポストコッホ生態系
3. 学会等名 新学術領域「ポストコッホ生態」第3回領域会議
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Nanako Kanno, Shingo Kato, Motomu Matsui and Shinsuke Shigeto
2. 発表標題 Nondestructive prokaryotic species discrimination using single-cell Raman spectroscopy and machine learning
3. 学会等名 日本農芸化学会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Motomu Matsui
2. 発表標題 ウイルスの初期進化と高速進化を解き明かす
3. 学会等名 第43回日本分子生物学会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Motomu Matsui and Wataru Iwasaki
2. 発表標題 Graph Splitting: A Graph-Based Approach for Superfamily-Scale Phylogenetic Tree Reconstruction
3. 学会等名 IIBMP2020
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Motomu Matsui and Wataru Iwasaki
2. 発表標題 機能インフォマティクスが解き明かすポストコッホ生態系
3. 学会等名 新学術領域「ポストコッホ生態」第2回領域会議
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Motomu Matsui and Wataru Iwasaki
2. 発表標題 グラフに基づく新たな系統解析手法で隠れた遠距離進化を発掘する
3. 学会等名 第21回日本進化学会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

Graph Splitting portal
<http://gs.bs.s.u-tokyo.ac.jp/>

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分 担 者	岩崎 渉 (Iwasaki Wataru) (50545019)	東京大学・大学院新領域創成科学研究科・教授 (12601)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関