

サブテーマ名：1 高速分子進化のための基盤技術の開発 小テーマ名：1f ゲノムデータからの知識抽出手法の開発と評価(フェーズI (H15)のみ)																
サブテマリーダー：埼玉大学工学部、教授、西垣 功一 (○:小テーマ代表者) 研究従事者：埼玉大学工学部、教授、○佐藤 直樹																
研究の概要、新規性及び目標 ①研究の概要 (本研究はH14年度の3ヶ月とH15年度の1年で終了した) 既存の遺伝子データベースにあるタンパク質の機能ドメイン情報を整理し、新規機能分子創出のためのシードとして活用すること、および、本サブテーマで得られる大量の遺伝子情報を適切に処理することによって、次の分子進化実験のシードを生み出すことを目標とした。 ②研究の独自性・新規性 進化実験で発生する多量な分子構造機能情報を扱うデータベースの構築はほかにない。 ③研究の目標 (フェーズ毎に数値目標等をあげ、具体的に) フェーズIにおいて、計算機の性能を向上し、多量のデータを扱うことのできる体制を整えらるとともに、分子機能を探る方法を開発する。																
研究の進め方及び進捗状況 (目標と対比して) 当初、予定した計算環境の整備の8割程度の実現であった。																
主な成果 具体的な成果内容： gclustを用いた系統樹解析から光合成生物に共通するが、光合成しない生物には存在しない相同遺伝子グループを同定し、特に機能未知のグループを36個選択した。 特許件数：0件 論文数：1件 口頭発表件数：0件																
研究成果に関する評価 1 国内外における水準との対比 光合成生物のゲノムを体系的に解析している仕事は世界的にも希少である。 進化分子工学の産生するデータベースをコンピュータ解析する仕事はまだない。 2 実用化に向けた波及効果 データベースが完成すれば、高速分子進化に合理的設計可能性を導入することになり、この分野の研究を推進する。																
残された課題と対応方針について 計算機の性能向上とデータベース機能を強化すること。																
	J S T負担分 (千円)							地域負担分 (千円)							合 計	
	H 14	H 15	H 16	H 17	H 18	H 19	小計	H 14	H 15	H 16	H 17	H 18	H 19	小計		
人件費							0							0	0	
設備費							0							0	0	
その他研究費 (消耗品費、 材料費等)							0		500					500	500	
旅費							0							0	0	
その他							0							0	0	
小 計	0	0	0	0	0	0	0	0	500	0	0	0	0	500	500	
代表的な設備名と仕様 [既存 (事業開始前) の設備含む] J S T負担による設備： 地域負担による設備：																

※複数の研究課題に共通した経費については按分する。