

木暮 一啓

東京大学大気海洋研究所
教授

超高速遺伝子解析時代の海洋生態系評価手法の創出

§ 1. 研究実施体制

(1) 「総合解析」グループ

- ① 研究代表者：木暮 一啓（東京大学大気海洋研究所、教授）
- ② 研究項目
 - ・海洋微生物群集の多様性解析のための標準プロトコル策定
 - ・機能遺伝子発現解析のための条件検討

(2) 「遺伝子解析基盤技術」グループ

- ① 主たる共同研究者：岩崎 渉（東京大学大学院理学系研究科、准教授）
- ② 研究項目
 - ・海洋生態系解析のためのバイオインフォマティクス技術開発
 - ・海洋生態系解析システム開発

(3) 「遺伝子アーカイバ」グループ

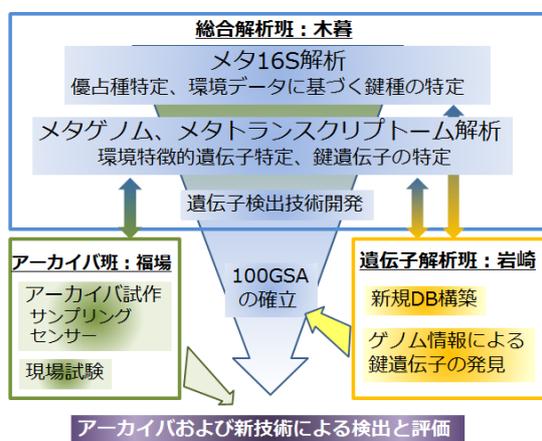
- ① 主たる共同研究者：福場 辰洋（海洋研究開発機構海洋工学センター、技術研究主任）
- ② 研究項目
 - ・海洋遺伝子アーカイバ（MGA）システム実機開発
 - ・先端技術を応用したシステム開発

§ 2. 研究実施の概要

「総合解析」グループの本年度の研究のねらいは、東北沖海域で得られた試料から、微生物群集の 16S rRNA 遺伝子および発現遺伝子の解析を通じて、環境特異的な 100 の遺伝子 (100GSA: 100 genes set analysis) を選択し、その検出に必要な技術開発を行うことであった。東北海域には親潮、黒潮、津軽暖流水が季節に応じて複雑に流入するが、16S rRNA 遺伝子解析により、この海域の微生物群集構造がこれらの三つの海流の流入を反映した海洋構造に対応していることを初めて明らかにした。また、同海域におけるメタトランスクリプトーム解析、および五條堀チームのデジタル DNA チップ解析システムを用い、個々の環境に対する応答する遺伝子を明らかにした。一方、その検出系として Capture Beads 法について検討し、プロテオロドプシンを含む光関連遺伝子を標的にして技術開発を行った。

「遺伝子解析基盤技術」グループの本年度の研究のねらいは、大規模遺伝子情報を解析するためのバイオインフォマティクス解析基盤をさらに発展させるとともに、実際に得られた大規模遺伝子配列情報の解析を行うことであった。前者に関連しては、昨年度開発した網羅的メタゲノムデータベース (MetaMetaDB) を用い、総合解析グループが取得した東北沿岸域および茨城県大洗周辺海域の群集構造解析データの解析を行い、その有効性を確認した。後者については、超並列シーケンサを用い、分子系統樹から時間軸に関する情報を取り出すために必要な「ルーティング」の新たな手法について検討を行い、その有効性と意義を明らかにした。

「遺伝子アーカイバ」グループは、海水中に一定期間設置し、海水試料を現場でろ過、保存し、回収するアーカイバの開発を目指している。6サンプルまでの自動採取、ろ過、保存を経てかつ DNA, RNA の採取が可能なシステムの検討を行い、mRNA の解析が可能な十分量かつ質のよい試料が得られることを確認した。このシステムでは温度塩分などのパラメータに加え、現場型 ATP (アデノシン三リン酸) 定量分析装置を組み込んでそのデータを検討したが、信頼できるデータが得られることが確認され、微生物の総量と群集構造、発現遺伝子解析が可能であることが分かった。



組織図

代表論文

- Kato, H. et al. (Kogure Kを含む) 2015. Structural basis for Na⁺ transport mechanism by a light-driven Na⁺ pump. 2015. Nature 521:48-53. doi:10.1038/nature14322.
- Hirase, S., Takeshima, H., Nishida, M. and Iwasaki, W. 2016. Parallel mitogenome sequencing alleviates random rooting effect in phylogeography. Genome Biology and Evolution. doi:10.1093/gbe/evw063.
- Yamada Y., Fukuda H., Tada Y., Kogure K. and Nagata T. (2016) Bacterial enhancement of gel particle coagulation in seawater Aquatic Microbial Ecology. 77:11-22 doi:10.3354/ame01784