

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 (東京大学大気海洋研究所、講師)
- 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 (東京大学生産技術研究所、特任准教授)
- ② 研究項目
  - ・海洋遺伝子アーカイバ(MGA)システムプロトタイプ型装置の設計開始
  - ・センサシステムの手配とシステムの中核としての基礎性能評価

## § 2. 研究実施内容

(文中に番号がある場合は(3-1)に対応する)

平成 23 年度は、まず本格的な研究を開始するための条件整備を主要に行った。具体的には、備品等の購入に加え、参加研究者のほぼ全員を集めたミニシンポジウム(2月8日)を開催し、相互の研究のバックグラウンドの紹介と本プロジェクトにおける研究方針の策定を行った。さらに、同じ研究領域の五條堀孝チーム、山中康裕チームの研究者らと相互の研究について議論を行い、研究内容の摺合せを行うとともに、遺伝子解析のプロトコル策定について具体的な協議を行った。

総合解析グループの23年度の狙いは、微生物の群集構造解析および遺伝子解析のためのプロトコルの作成であった。このため、これまで国際的に広く使われてきたアメリカおよびフランスの技術の具体的な情報を集めるとともに、本グループの構成員が使用してきた方法論を精査し、具体案を作るとともに、方法論の検討課題を洗い出した。これを五條堀孝チーム、山中康裕チームと協議、検討中である。また、100GSA (Gene Set Analyses) で解析予定の機能遺伝子の一つであるProteorhodopsin 遺伝子に関するパイロットスタディの論文が公表された。これは従来なかった新しいPCR primerを設計し、海洋細菌群集に適用したもので、今後 100GSA での発現解析へのアプローチに繋げていくアプローチとしての方法論的なめどがついた。

遺伝子解析基盤技術グループの23年度の狙いは、海洋生物の群集構造および機能、海洋生態系の環境情報についての関連情報を収集すること、および、情報科学的手法の有効性についての比較検討、およびアルゴリズムの検討を開始することであった。具体的には、以下に列挙する関連データベース・オントロジー・ツール・ウェブサイト等について調査を行い、技術開発に応用できる準備を整えた。本分野では、非常に多種多様なリソースが各機関によって矢継ぎ早に開発・改良され続けているため、今後も最新の動向に関する調査を技術開発と並行して行って行くことが重要である。また、水圏生物学における次世代シーケンサー活用の現状と応用可能性への展望に関して調査を行い、総説論文として発表した(佐藤行人, 八谷剛史, 岩崎渉. 水産育種, 41, 17-32. (2012))。

- EnvO <http://environmentontology.org/>
- MEO <http://mdb.bio.titech.ac.jp/meo/>
- GOLD <http://www.genomesonline.org/cgi-bin/GOLD/index.cgi>
- GSC [http://gensc.org/gc\\_wiki/index.php/Main\\_Page](http://gensc.org/gc_wiki/index.php/Main_Page)
- EMP <http://www.earthmicrobiome.org/>
- Terragenome (International Soil Metagenome Sequencing Consortium)  
<http://www.terragenome.org/>
- The SEED [http://www.theseed.org/wiki/Home\\_of\\_the\\_SEED](http://www.theseed.org/wiki/Home_of_the_SEED)
- DSMZ <http://www.dsmz.de/>
- ATCC <http://www.atcc.org/>
- PCC  
<http://www.pasteur.fr/ip/easysite/pasteur/en/research/collections/crbip/general-informations-concerning-the-collections/iv-the-open-collections/iv-iii-pasteur-culture-collection-of-cyanobacteria>
- SRA <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Traces/sra/sra.cgi?view=samples&term=&go=Go>
- DRA <http://trace.ddbj.nig.ac.jp/dra/index.shtml>
- Gazetteer <http://biportal.bioontology.org/ontologies/1397>
- Gene Ontology <http://www.geneontology.org/>
- EnvO <http://obo.cvs.sourceforge.net/viewvc/obo/obo/ontology/environmental/envo.obo>
- MG-RAST <http://metagenomics.anl.gov/>

- FragGeneScan <http://omics.informatics.indiana.edu/FragGeneScan/>
- CAMERA <http://camera.calit2.net/>
- MEGAN <http://ab.inf.uni-tuebingen.de/software/megan/>
- Galaxy <http://galaxy.psu.edu/>

遺伝子アーカイブグループの23年度の狙いは、海洋遺伝子アーカイバ(MGA)システムプロトタイプ型装置の設計開始と、センサシステムの手配と基礎性能評価であった。まず、本研究において開発する、海洋微生物の RNA を保存した状態で回収可能な「海洋遺伝子アーカイバシステム」について、そのプロトタイプとなる装置の基礎的な設計を開始した。その結果、市販のスタンドアロン型 CTD システムとサンプリング装置を組み合わせることで実用的なシステムが構築できることを確認した。同時に、本研究において計測の対象となる環境因子と、それに求められる精度等の情報に基づき、特に海洋沿岸域・表層域を運用対象と想定した海洋遺伝子アーカイバシステムのプロトタイプに装備するセンサ群の選定を実施した。具体的には、蛍光強度計、濁度計、CTD センサ、pH センサの選定を行った。また、水深(圧力)センサには水晶式のセンサを導入し、高精度な計測が可能な仕様とすることで、表層から中・深層にわたる広範な水深レンジで使用可能でありながら、潮汐変動のモニタリングも同時に可能な仕様とした。最後に、上記の選定結果に基づいて導入した各種環境センサ付きメモリー式 CTD システムについて、その基礎的な仕様及び動作を確認した。今後は、上記のメモリー式 CTD システムに海洋微生物サンプルの回収と、RNA 保存の機能を付与し、海洋遺伝子アーカイバ(MGA)システムプロトタイプを完成させる予定である。

### §3. 成果発表等

#### (3-1) 原著論文発表

##### ●論文詳細情報

1. Yoshizawa, Susumu, Akira Kawanabe, Hiroyasu Ito, Hideki Kandori and Kazuhiro Kogure. 2012. Diversity and functional analysis of proteorhodopsin in marine *Flavobacteria*. *Environmental Microbiology*. vol. 14, No. 5, 1240–1248, 2012, (DOI:10.1111/j.1462-2920.2012.02702.x)