

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(独立行政法人海洋研究開発機構、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

海洋生物の中で数として、あるいは生物量としてもっとも大きいのは微生物、それも細菌と呼ばれる原核生物の一群である。これらのグループは外洋表層でも1mLに約数10万細胞を数える。また、細菌は地球上に最初に現れた生物群として30億年以上にわたる進化の歴史を持ち、多様な種および遺伝子群からなる。微生物の群集構造や遺伝子構造はそれが生息する海域の環境条件に応じて変化する。さらに、例えば光合成や光応答に関連する遺伝子は昼機能するが、夜は働かない。その他にも、水温、塩分などに代表される物理化学的な環境要因や特定の有機物などの存在に応じて、微生物の持つ一部の遺伝子の機能が発揮されると予想される。このように、微生物の群集構造、遺伝子構造、さらに機能遺伝子群は環境の特性に応じて変動することから、それらを知ることにより逆に環境の特性を明らかにすることができるだろう。これが本プロジェクトの考え方である。

こうした解析は技術的開発を必要とする。鍵となるのは、まず環境中に存在する微生物群集から遺伝子を抽出し、その塩基配列を求める技術、第二に、そこから得られる多量の遺伝子情報から環境の特性を明らかにするための特定の遺伝子を選び出し、かつその検出を可能にする技術、第三に、微生物の時空間変動スケールをふまえたサンプリング技術が求められる。

上記の第一の技術については、近年利用が可能になったいわゆる次世代型の遺伝子解析装置（以下、NGS:Next Generation Sequencer）が大きな武器となりつつある。この装置は比較的短時間のうちにそれ以前の機器では得られなかった多量の塩基配列のデータを求めることができる。これによって以前は見落とされていた微生物種の存在が明らかになりつつある。本プロジェクトでもNGSを駆使する一方、微量ながら環境の指標に優れる特定の遺伝子を検出するための技術開発を行う。第二の技術についてはいわゆるバイオインフォマティクスという新しい学問分野の技術を導入し、膨大な量の遺伝子情報から目的に沿った遺伝子を選択、検出していく方法論の開発を目指す。第三の技術については、海水中の微生物群集を船上に上げることなく、海中でろ過、固定し、経時的な試料を得ることを可能にする遺伝子アカイバーの開発を狙っている。

本事業ではそれぞれに対して総合解析グループ（代表：木暮）、遺伝子解析基盤技術グループ（代表：岩崎）、遺伝子アーカイバグループ（代表：福場）を置き、観測および技術開発を行ってきた。これまでのところ、総合解析グループは東北海域でのサンプリングおよび微生物群集の解析を行って微生物群集、メタゲノム、発現遺伝子についての基礎的なデータを取得している。また、その中で、特に光エネルギーを用いてエネルギー形成を行う特定の機能タンパク（プロテオロドプシン）に関する新たな知見を得た。今後はこの遺伝子を含め、環境中の特定遺伝子についての研究技術を開発する予定である。遺伝子解析基盤技術グループは、これまでに世界中の様々な環境から得られたメタゲノムデータを収集した網羅的メタゲノムデータベース（MetaMetaDB）を開発し、海洋環境中に新たなグループの微生物が見つかった場合にその由来となった環境を遺伝子情報から迅速に解析し、遺伝子情報に基づいた生態系評価を行うための基盤を作った。また、魚類の遺伝子情報を網羅的に収集した魚類ミトコンドリアゲノムデータベース（MitoFish）の開発にも成功した。遺伝子アーカイバグループは、アーカイバに装着するセンサー類の基礎的な検討を進めるとともに、微生物の現存料の指標となるATPの検出系を組立て、現場試験で深海までの利用可能性を確認した。

§ 3. 成果発表等

(3-1) 原著論文発表

論文詳細情報(国際)

1. INOUE, Keiichi, Hikaru ONO, Rei ABE-YOSHIZUMI, Susumu YOSHIZAWA, Hiroyasu ITO, Kazuhiro KOGURE, Hideki KANDORI. A light-driven sodium ion pump in marine bacteria. *Nature Communications*. 4: 1678, 2013 (DOI: 10.1038/ncomms2689)
2. PARK, Sanghwa, Susumu YOSHIZAWA, Yuki MURAMATSU, Yasuyoshi NAKAGAWA, Akira YOKOTA, Kazuhiro KOGURE. *Aureicoccus marinus* gen. nov., sp. nov., a member of the family Flavobacteriaceae, isolated from seawater. *International Journal of Systematics and Evolutionary Microbiology*. 63:1885-1890. 2013. (DOI :10.1099/ijls.0.045104-0)
3. Takei, Y., Miyanishi, H., Nobata, S., Wong, M. K. S., Watanabe, T., Ventura, A., Shiozawa, A., Hyodo, S., and Kusakabe, M., Establishment and validation of an aquarium system to evaluate salinity preference in conscious rainbow trout. *Coast. Mar. Sci.* 36: 26-34, 2013
4. Masaki Miya, Matt Friedman, Takashi P. Satoh, Hirohiko Takeshima, Tetsuya Sado, Wataru Iwasaki, Yusuke Yamanoue, Masanori Nakatani, Kohji Mabuchi, Jun G. Inoue, Jan Yde Poulsen, Tsukasa Fukunaga, Yukuto Sato, and Mutsumi Nishida, Evolutionary Origin of the Scombridae (Tunas and Mackerels): Members of a Paleogene Adaptive Radiation with 14 Other Pelagic Fish Families, *PLOS ONE*, 8, e73535, 2013 (doi:10.1371/journal.pone.0073535)
5. Yamada, Y., Fukuda, H., Inoue, K., Kogure, K., and Nagata, T., Effects of attached bacteria on organic aggregate settling velocity in seawater., *Aquatic Microbial Ecology* 70: 261-272, 2013 (doi:10.3354/ame01658)
6. Wataru Iwasaki, Tsukasa Fukunaga, Ryota Isagozawa, Koichiro Yamada, Yasunobu Maeda, Takashi P. Satoh, Tetsuya Sado, Kohji Mabuchi, Hirohiko Takeshima, Masaki Miya, and Mutsumi Nishida, MitoFish and MitoAnnotator: A Mitochondrial Genome Database of Fish with an Accurate and Automatic Annotation Pipeline.,

Molecular Biology and Evolution, 30, 2531-2540, 2013 (doi:10.1093/molbev/mst141)

7. Ching-chia Yang and Wataru Iwasaki, MetaMetaDB: A Database and Analytic System for Investigating Microbial Habitability, PLOS ONE, 9, e87126, 2014 (doi:10.1371/journal.pone.0087126)
8. Kohji Mabuchi and Kaoru Kuriwa, Molecular phylogenetic affinities of *Scarus obishime* Randall & Earle, 1993, endemic to the Pacific Ocean archipelago of Ogasawara (Japan), Pacific Science (in press)
9. K. Okamura, T. Noguchi, M. Hatta, M. Sunamura, T. Suzue, H. Kimoto, T. Fukuba, T. Fujii, Development of a 128-channel multi-water-sampling system for underwater platforms and its application to chemical and biological monitoring, Methods in Oceanography, DOI: 10.1016/j.mio.2014.02.001 (in press)