

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(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

「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) の選択に必要な基礎的データを得ることであった。16S rRNA 遺伝子については大槌湾および女川湾とその東方海域の試料の解析結果から、沿岸域に特徴的に分布するグループを確認した。発現遺伝子解析についてはメタトランスクリプトーム解析を行い、細菌種レベルでの遺伝子発現の差を検証した。すなわち、主要細菌種の遺伝子発現を比較し、個々の環境に対する生理機能の違いから 100GSA の候補遺伝子を絞り込んだ。とりわけ、地球化学的に重要とされる物質循環に関わる遺伝子、すなわち窒素循環、イオウ循環、メタン生成および酸化に関わる遺伝子群を選択した。また、16S rRNA と 16S rDNA との相対的な量の比較から活性の高い菌群を選択することにより、100GSA への応用を行うためのデータを得た。

「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。前者に関連しては特に、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) について、さらに機能遺伝子情報の追加を行った。また、近藤チームと連携し、魚類ミトコンドリアゲノムデータベース (MitoFish) の機能増強に必要な環境DNA解析プログラムの開発を行った。これらの遺伝子情報解析リソースを活用しつつ様々な海洋サンプルの遺伝子解析を進め、海洋における有機物凝集体の生成に関わる遺伝子や魚類に浸透圧適応に関わる遺伝子など、海洋生態系評価に有用な遺伝子を見出した。

「遺伝子アーカイバ」グループは、水面下の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。サンプル処理量最大8L、サンプル数6、バッテリーユニットを装着した実機を開発し、陸上及び海域で実地試験を行った。2014年5月～6月に実施した白鳳丸KH14-2航海において本機 (図1)を用いて採取されたサンプルからDNAおよびRNAを抽出し、メタゲノム・メタトランスクリプトーム解析が可能な量を採取できたことからその有用性が確認された。加えて最大24サンプルの処理が可能な次世代実機の開発に着手した。マイクロ流体デバイスを組み込んだ現場型ATP (アデノシン三リン酸) 定量分析装置の実機を完成させ、白鳳丸KH14-6航海においてCTD-CMSに搭載し、海面から海底までのATP濃度の鉛直プロファイル取得に成功した。また、現場での校正を効率よく実施するための新たな手法について、実機への適応を見据えながら基礎評価を実施した1)。



図1 サンプル処理装置を搭載したCTD-CMS

代表的な論文

1) K. Hanatani, T. Fukuba, T. Fujii “Development of in situ microbial ATP analyzer and internal standard calibration method”, Underwater Technology 2015 (Chennai, India), UT15-120, 2015