

遺伝子情報を用いた海洋生態学研究
Research on marine ecology using genetic information

東京大学 大気海洋研究所 地球表層圏変動研究センター 生物遺伝子変動分野
西村 陽介

研究成果概要

昨年度に引き続き、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、メタゲノムデータを活用した微生物生態系の研究および、微生物遺伝子解析ツールの開発を行った。

優占する系統群の多くが未培養である海洋微生物の研究においては、培養を行わずにゲノム多様性や代謝戦略、進化の過程を解明できるメタゲノミクスに期待が集まっている。公開された海洋メタゲノムデータを網羅的に利用して、2,057メタゲノムから5万個以上の高品質な原核生物ゲノムを再構築した。これらのゲノムは海洋微生物生態系を理解する上で重要なリファレンスとなると期待される。

また、これらのメタゲノム由来のデータに含まれる機能未知遺伝子の中から、光受容体等の有用な微生物遺伝子資源の探索を行っている。そのために、莫大な配列データから特定の遺伝子ファミリーの配列を抽出し、系統分類を行うためのツールの開発を行った。実際に、開発したツールを用いて、様々な環境に由来する公開されたメタゲノムデータやメタトランスクリプトームデータから、200,000以上のロドプシン配列を網羅的に収集し、その系統分類を行った。

発表論文(謝辞あり)

1. Kento Tominaga, Daichi Morimoto, Yosuke Nishimura, Hiroyuki Ogata, Takashi Yoshida. 2020. 'In silico Prediction of Virus-Host Interactions for Marine Bacteroidetes With the Use of Metagenome-Assembled Genomes.' *Frontiers in Microbiology* 11:738

発表論文(謝辞なし)

2. Masumi Hasegawa, Toshiaki Hosaka, Keiichi Kojima, Yosuke Nishimura, Yu Nakajima, Tomomi Kimura-Someya, Mikako Shirouzu, Yuki Sudo, Susumu Yoshizawa 'A unique clade of light-driven proton-pumping rhodopsins evolved in the cyanobacterial lineage.' *Scientific Reports* 10(1):1-10