

研究課題（テーマ）		生物情報学を基盤とした複合生物系解析による環境保全技術・有用物質生産法の高度化				
研究者	所属学科等	職	氏名			
代表者	大島 拓 高橋 裕里香 畠俊郎（環境工学科）	准教授 助教 教授	研究統括 塩基配列決定、生物情報学解析 サンプル採取、土木工学実験、微生物実験			
研究結果の概要						
<p>細菌は多様な環境に生育し、その環境に大きな影響を与えている。したがって、興味のある環境中に、どのような細菌が住んでいるか（細菌叢）を決定することは、その環境がどのような環境下を決定する意味を持つ。例えば、赤ちゃんの腸内細菌叢には、ビフィズス菌が豊富だが、母乳を栄養源としなくなると急速にビフィズス菌が減少し、他の細菌が増加する。このように、細菌叢が、その環境を示すことがありうる。</p> <p>細菌叢を解析するためには、細菌を含む環境サンプルから DNA を抽出し、その DNA をシーケンスするメタゲノムという解析を行う。しかし、その一方で、どのような環境でも、多数の細菌が生育しているということではなく、微量な DNA しか精製できないような環境も存在する。このような環境の細菌叢を効果的に解析するためには、微量な DNA であっても効率的にシーケンスすることができる解析手法が必要とされている。</p> <p>この数年で、ナノポア（Nanopore）と呼ばれるシーケンスシステムが普及してきた。このシステムは、電流が流れるごく狭い穴を、DNA が通り抜ける際の電流の低下により DNA 配列を決定することができる。システムを構成するデバイスの大きさは USB を一回り大きくした程度の大きさであり、現場でサンプル（環境 DNA）を回収し、その場で解析できる特徴がある。加えて旧来のシーケンサーに比べ、長い DNA 鎖をシーケンスすることができ、一本の DNA のシーケンスから得られる情報量が大きい。</p> <p>我々は環境 DNA の解析をより効果的に行うために、微量の菌しか生育しておらず、極めて微量の環境 DNA しか得られない環境サンプルを解析する手法として、Nanopore シーケンサーを適用した。サンプルは、深海底コアサンプルであり、人体などの環境サンプルとは違い、通常の光学的な解析手法では検出できない濃度の DNA しか抽出できなかった。この環境サンプル由来の DNA を用い、Nanopore シーケンサーを用いたアンプリコンシーケンスを行った結果、効果的なシーケンス解析をサンプル抽出現場で速やかに行うことができた。この結果は、微量の環境 DNA しか得られないようなサンプルを解析するために、Nanopore シーケンスが有効な手段になりうることを示している。</p>						
今後の展開						
<p>Nanopore シーケンサーの強みは、微量 DNA サンプルを用いて長鎖 DNA のシーケンスを行う能力を持つ点にある。本年の成果を基盤とすることで、微量な DNA を含む環境サンプルを用いた長鎖全メタゲノム解析に挑むことができる。この方法論が確立できれば、わずかでも環境 DNA を回収できれば、それを元に得られたシーケンスを使って、環境微生物のゲノムを再構成することが可能になる。その結果として、興味を持った環境に、どのような細菌が、どのような活性をもって生育しているかを、より高精度に明らかにできるようになると期待している。</p>						