

研究課題 (テーマ)		Nanopore を用いた複合生物系解析による環境保全技術の高度化	
研究者	所属学科等	職	氏名
代表者	大島 拓	准教授	研究統括
	高橋 裕里香 島俊郎 (環境・社会基盤工学科)	助教 教授	塩基配列決定、生物情報学解析 サンプル採取、地盤環境試験、微生物実験
研究結果の概要			
<p>地球上のほぼすべての場所には、様々な細菌、古細菌、真菌からなる、いわゆる微生物叢が形成されている。近年の精力的な研究から、この微生物叢が、地球の環境自体にも大きな影響を及ぼし、例えば深海底地層の形成に関しても、重要な役割を担っていることがわかりつつある。近年の、このような研究の発展は、大規模シーケンサーと呼ばれる高速で、多くの DNA 配列を決定する装置が開発されたことが関係している。この装置、イルミナシーケンサーは、これまで多くのブレイクスルーを引き起こしてきた。しかしながら、環境から分離される微量の DNA の解析の解析に関しては、多くの問題を含んでいる可能性が指摘されていた。一方で、イルミナシーケンサーとは全く異なるコンセプトの基で開発された、様々な大規模シーケンサーが、ごく最近、使用することが可能になり、この最新型の大規模シーケンサーを用いた様々な環境 DNA の解析＝メタゲノム解析が行われるようになってきた。この情報を基に、興味深い環境の微生物叢を正確に明らかにし、その環境を形成するために必要な遺伝子を明らかにすることで、環境を形成する“分子メカニズム”まで踏み込める可能性が出てきた。そこで我々は、最新型の大規模シーケンサーである Nanopore シーケンサーを用いて、深海底コアサンプルから抽出した微量かつ貴重な環境 DNA をシーケンスすることで、深海底コアサンプルの全メタゲノム解析に成功した。これまで行ってきたイルミナシーケンサーによるメタゲノム解析結果と比較したところ、大きな違いが認められた。これは、PCR を用いる通常メタゲノム解析手法は、PCR バイアスが大きく、微量な環境 DNA を用いたメタゲノム解析には最適でないことを示していると考えられた。シーケンスにより得られた配列の平均鎖長は 8-10kbp であり、ウレアーゼ遺伝子を含む、多くの有用遺伝子の発見が期待できる。極めて多くの遺伝情報が得られたことから、現在も有用遺伝子を探索中である。また、Nanopore を用いたゲノム配列決定も実施し、高品質のシーケンス結果を得た。現在、アセンブルを試みているが、本学におけるゲノム配列決定の高度化に寄与する手法を確立できたと考えている。</p>			
今後の展開			
<p>Nanopore を用いた全メタゲノム解析手法は、特に微量な DNA しか取得できない環境評価の強力なツールになりうることから、様々な環境から取得した微量 DNA サンプルに対し、Nanopore によるメタゲノム解析を進める予定である。その結果を用いた、有用遺伝子探索の効率を上げるためにも、今後は情報解析環境のさらなる充実を目指す。同時に行った完全長ゲノム決定に関しても、より簡便なアセンブル手法を外部の情報解析専門家等の協力も得て構築する予定である。</p>			