

## 2A-2

## 口頭発表

## メタゲノム解析から掘削コアの遺伝子多様性

○高見 英人<sup>1</sup>、豊田 敦<sup>2</sup>、伊藤 武彦<sup>3</sup>、坪内 泰志<sup>1</sup>、西 真郎<sup>1</sup>、高木 善弘<sup>1</sup>、荒井 渉<sup>1</sup>、堀 沙耶香<sup>1</sup>、稲垣 史生<sup>1</sup>、諸野 祐樹<sup>1</sup>、青池 寛<sup>1</sup>、高井 研<sup>1</sup>

<sup>1</sup>海洋研究開発機構、<sup>2</sup>国立遺伝研、<sup>3</sup>東工大生命理工

**Key words :** metagenomics

【背景・目的】下北半島東方沖掘削コアを材料とし、地下生命圏における微生物叢の多様性を 16S rDNA やゲノム情報から明らかにすることを目的としてメタゲノム解析を開始した。昨年度までに 16S rDNA の配列に基づく系統解析などの結果を発表したので、今年度は更に詳細な種レベルでの解析を行い掘削深度の違いによる多様性の推移を調べた。また、メタゲノムライブラリーのうち当初の目標であった 8 万リードの配列決定が各掘削深度 5 サイトにおいて終了したので、本格的なメタゲノム解析に着手した。【方法・結果・考察】各掘削深度から得られた 1000 クローンの 16S rDNA のホモロジーがお互い 98%以上の時に同種と判断しクラスタリングを行うと、bacteria の場合、海底下 0.7m では 383 種であったが、5m では 152 種に減少した。一方、18.5m、48m では 320 種、304 種とほぼ 0.7m の水準に回復し、107m では 58 種に減少した。Archaea の場合、0.7m では 142 種であったが、深度と共に種の数が減少し bacteria とは異なっていた。Bacteria の場合、浅い 2 サンプルでは proteobacteria の多様性が高いが、深くなるにつれ JS1 の多様性が高くなることわかった。5 サイトから得られた各 8 万リードの配列には、最も多い 0.7m で約 9 万、最も少ない 104m で 6 万 7000 の ORF が見出された。次に、全 ORF を全て用いてクラスタリングを行うと、0.7m と 18.5m 間で約 1 万 ORF が共有され、全ての掘削深度間の組み合わせで最も多いことがわかった。ORF の詳細な機能情報については現在解析中である。

takamih@jamstec.go.jp

## 2A-3 (P-132)

## 口頭発表+ポスター発表

## 環境ゲノムのパスウェイ解析

○奥田 修二郎

立命館大・生命科学・生命情報

**Key words :** metagenome, pathway, bioinformatics, kegg

自然環境中では、生物は多くの他の生物と共に生きている。生物一個体としてではなく、生物群(叢)としてとらえることにより、生物と生物、さらには環境と生物との相互作用の理解が可能になると考えられる。近年、環境サンプル中の生物種ゲノムをすべてシーケンスするメタゲノム解析が行われるようになってきた。これまでの手法では同定困難であった生物種ゲノムの配列もシーケンスすることが可能となり、環境ゲノム解析の新たな局面が始まったと言っても過言ではない。このようなメタゲノムデータは、公共データベースに登録されているものも増えてきており、計算機を用いたバイオインフォマティクスの解析対象となりつつある。本研究では、メタゲノムデータを利用した環境とゲノムの相互作用についての解析を行った。まず、JGI (<http://img.jgi.doe.gov/>) において提供されている各種メタゲノムデータを取得した。このメタゲノム内の各エントリに、KAAS (<http://www.genome.jp/tools/kaas/>) を利用して、アノテーションを行った。KAAS では、双方向ベストヒット及びそのスコアに基づいて、自動的にアノテーション情報を付与することが出来る。KAAS によって得られるアノテーションを、KEGG (<http://www.genome.jp/kegg/>) データベース内で用いられる機能分類 ID によってカテゴライズした。それに基づき、KEGG において提供されるパスウェイデータやモジュールデータへのマッピングを行った。これらのパスウェイ情報から、各メタゲノムサンプルの採集地毎の違いや、その特徴について紹介する。

okd@sk.ritsumei.ac.jp