

SA-004 バイオインフォマティクスから迫るアーキアの正体と多様性

岩崎 渉

東大・大気海洋研

第二世代 DNA シーケンサ（次世代DNAシーケンサ、超並列 DNA シーケンサとも）の登場はゲノム配列解読のスピードを革命的に向上するとともに、そのコストを大幅に押し下げた。プロテオミクスやメタボロミクスなどのいわゆるオーミクス技術はいずれも発展しつつあるが、産出されるデータ量という観点からはDNAシーケンサの性能向上の影響が群を抜いている。これらの技術革新の結果、膨大なデータを解析するための「道具」としてのバイオインフォマティクスが、微生物生態学分野においても必須なものとして認識されつつあることは周知の通りである。しかしながらこれらの技術を活用してアーキアの正体と多様性に迫る上では、アーキアの純粋分離株が圧倒的に少ないこと、さらに、その遺伝子機能に関する情報が大きく限られていることが、特に相同性ベースの配列解析に大きく依存した現在のバイオインフォマティクス解析においては、極めて大きなボトルネックとなっている。このボトルネックを乗り越え、膨大なデータを活用しつつアーキアの正体と多様性に迫る上では、新しい発見をもたらす「学問」としてのバイオインフォマティクスの側面により注目する必要があるであろう。本発表では、将来の微生物生態学におけるバイオインフォマティクスの役割を占う試金石ともなりうるアーキアのバイオインフォマティクス解析について、私たちのグループの研究の経験を踏まえつつ展望を述べる。