

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		石筍内部に数千年間封じ込められた微生物群集の解析			
研究テーマ (欧文) AZ		Microbial analysis in a stalagmite formed about 10000 years ago			
研究氏 代 表 名 者	カナ CC	姓)セガワ	名)タカヒロ	研究期間 B	2012 ~ 2013 年
	漢字 CB	瀬川	高弘	報告年度 YR	2014 年
	ローマ字 CZ	Segawa	Takahiro	研究機関名	国立極地研究所
研究代表者 CD 所属機関・職名		国立極地研究所、新領域融合研究センター			
概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)					
<p>本研究は、長期間封じ込められてきた石筍内部を新たな生物圏として捉え、この特異な極限環境から得られた微生物のゲノムを解読し、その機能の解明から、これまで未知であった石筍内部の微生物叢全体の解明をおこなうことを目的とする。沖縄県の地下石灰岩洞窟で約1万年前に形成されたと考えられる石筍試料から、コンタミネーションのない無菌的な手法で石筍内部を取り出し、DNA 及び RNA 抽出をおこなった。採取した DNA 及び RNA サンプルを ILLUMINA MiSeq シークエンサを用いてシークエンスし、サンプル当たり1から20ギガ塩基の配列データを得た。同配列データから生物種のゲノム配列を再構成するためにアセンブルをおこない、得られたコンティグ(再構成されたゲノム配列群)上で遺伝子配列を推定した。各遺伝子を KEGG データベースと照合し、各サンプルの生物種及び遺伝子機能の分布解析をおこなった。生物種としては、DNA 及び RNA サンプルで、約 1000-1500、約 100-400 種類の生物種を同定し、遺伝子の種類としては、それぞれ、約 2500-9000、及び約 600-1900を同定した。同定された微生物及び遺伝子機能の分布を基に、DNA 及び RNA データ間の相関や、サンプリングされた環境で主たる微生物群にエネルギーを供給していると考えられる窒素循環に関する代謝経路を中心に代謝経路の解析を行っている。</p>					
キーワード FA	石筍	微生物	窒素循環		

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA									
研究機関番号 AC					シート番号									

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 EZ

We extracted metagenomic DNA and metatranscriptomic RNA from a stalagmite formed about 10000 years ago at the floor of a limestone cave of Okinawa prefecture. In sequencing the sampled DNA and RNA by Illumina MiSeq sequencer, we obtained a total of 6 datasets of sequences. The Illumina reads were assembled (software-based reconstruction of sampled genomic DNAs of organisms living on the sampled sites) and gene ORFs (open reading frames) were determined on the assembled contigs (reconstructed sequences of the genomic DNAs). Aligning the ORFs to a KEGG database, we carried out taxonomic and functional binning. We have identified ~1000 to 1500 and ~100 to 400 distinct species among the DNA and RNA samples, respectively. Some of the species detected in DNA samples could be detected also in the RNA samples of the same sites. We identified ~2500 to 9000 and ~600 to 1900 distinct functions, among the DNA and RNA samples, respectively. Based on the identified species and gene functions, we have analyzed the relationship between the RNA and DNA samples, between the internal and external sites and metabolic pathways focusing on nitrogen recycling which presumably supplies the energy of the predominant organisms living on the sampled sites.