

課題番号: **GS009**
助成額: 173百万円

グリーン・イノベーション

生物系

平成 23年 2月 10日
～平成 26年 3月 31日

シングルセル・ゲノミクスの確立による環境微生物の遺伝子資源化と生態系解明

本郷 裕一 東京工業大学大学院生命理工学研究科 准教授
Yuichi Hongoh



専門分野
分子生態学

キーワード
細菌叢ゲノム/環境ゲノム/ゲノム共生/
遺伝子資源/バイオマス/難培養微生物

WEBページ
<http://www.hongoh.bio.titech.ac.jp/>

研究背景

地球上の99%以上の微生物種は人工培養不能なため、生理・生態は不明であり、産業利用も困難である。そこで、培養を介さずに、単一ないし極少数の細胞からゲノム（全遺伝情報）配列を取得する手法（シングルセル・ゲノミクス）の確立が求められてきた。ゲノムは生物の設計図で、その情報があれば基本的な機能を推定できる。

研究目的特色

シングルセル・ゲノミクスのための実験・解析系の確立・最適化を行う。特にシロアリ腸内に共生する培養不能微生物群集を題材として、木質分解性の原核生物と原核生物、また同原核生物の細胞質、核内、細胞表面に共生する原核生物の単一ないし極少数の細胞からゲノム配列を取得して、基礎・応用科学両面に貢献する。

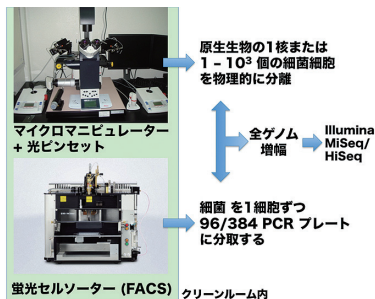
実績

代表論文: The ISME Journal 8, 1008-1019, (2014)

研究成果

シングルセル・ゲノミクスの最適化

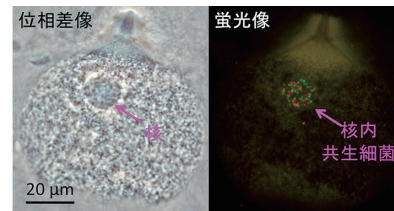
細胞自動分取装置を用いた単一細菌細胞からの全ゲノム増幅について、使用する試薬、分量、コンタミ排除法、情報解析手法などの最適化を行った。現在のところ、成功率は約3割で、米国などのチームと同等の値である。また、微細操作装置を用いたシングルセル・ゲノミクスについても最適化を行った。



シングルセル・ゲノミクスのスキーム

シングルセル・ゲノミクスの実践

シロアリ腸内で木質分解を行う、培養不能な共生原生動物の1核および、腸内細菌1ないし少数細胞からのゲノム解析を行い、不完全ながらゲノム全域の配列を取得した。ゲノム配列から、木質分解酵素遺伝子などを同定した。



単一核からゲノム解析中のシロアリ腸内原生動物（左図）と一細胞からゲノム解析中の2種の核内共生細菌（右図、赤と緑で染色）

2030年の 応用展開

微生物は食品、医薬品をはじめとする様々な産業に不可欠な資源であるが、環境中で大多数を占める培養不能種の応用はほとんど不可能であった。しかし、より高精度で高効

率なシングルセル・ゲノミクスが確立されて普及すれば、これまで人類に未知であった多様な微生物種が遺伝子資源として利用可能になる。