資料3-2
国際的動向を踏まえたオープン
サイエンスに関する検討会（第3回）
平成27年1月26日（月）

第3回オープンサイエンス検討会

ライフサイエンスデータの統合化

ーメタゲノミクスの現状と今後の展望ー

黒川顕（東工大・地球生命研究所）
Ken Kurokawa (Earth-Life Science Institute, TITECH)

東京工業大学
Tokyo Institute of Technology

wpi
World Premier International
Research Center Initiative

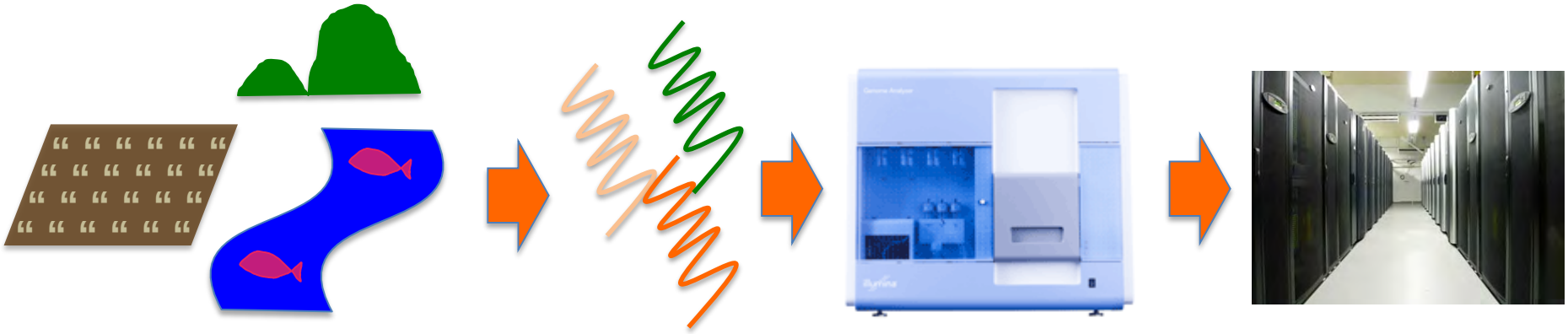
EARTH - LIFE SCIENCE INSTITUTE

微生物研究を取り巻く現状

- 微生物は地球上のいたる所に存在し環境と密接に関与している
- 微生物研究はバイオ分野のみならず、他の多くの分野と連携可能
- 既に多様なDBが多数存在する
- しかし、微生物と環境との関連性を記述しているDBはほとんど無い
- さらに、専門知識を持っていないバイオ分野以外の人は利用困難

メタゲノム解析

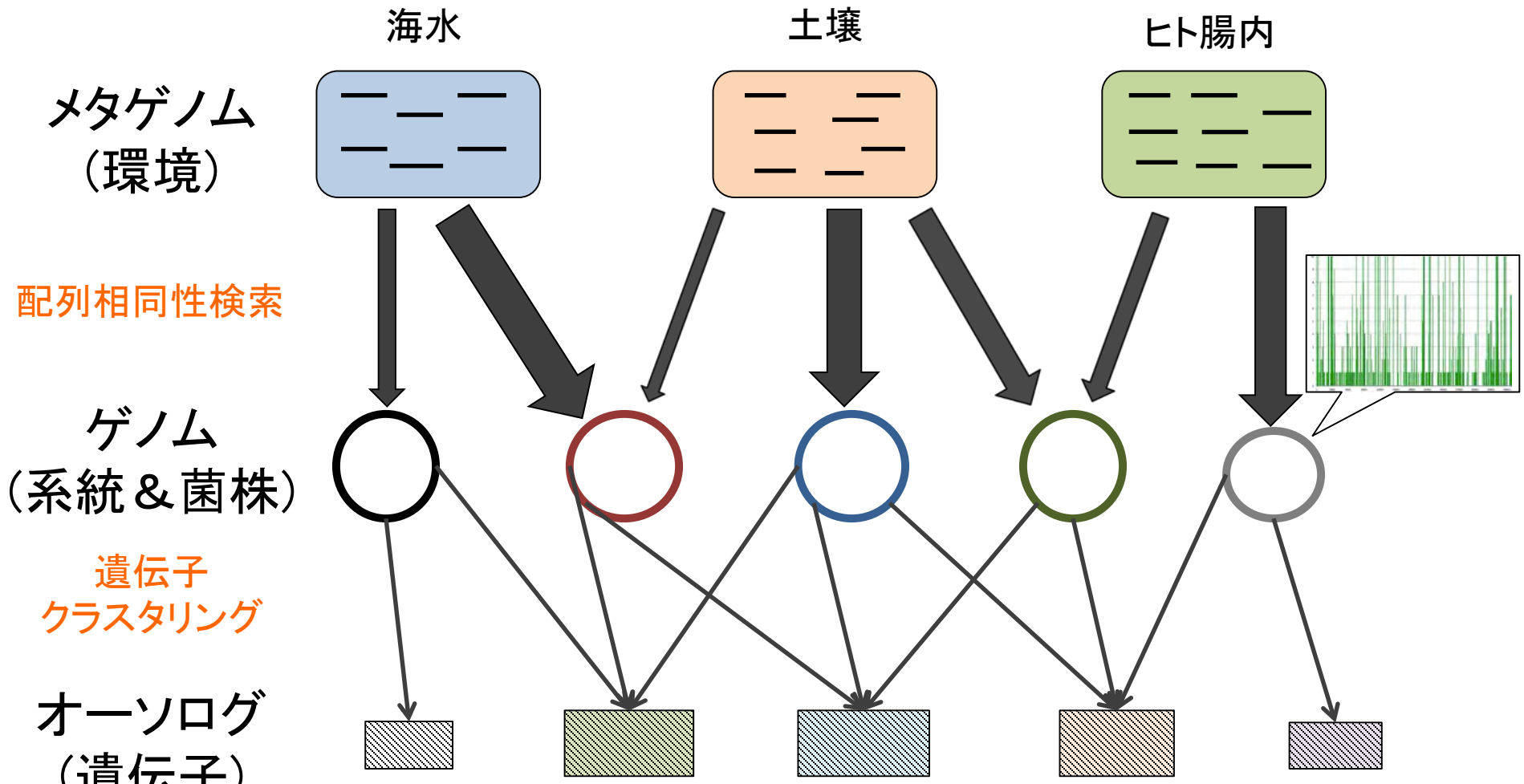
ヒトや動物の腸内、土壌や海洋など自然環境中の微生物はそのほとんどが培養困難であり、どのような種類の微生物がどれくらい存在し何をしているのか、など全くわかっていない



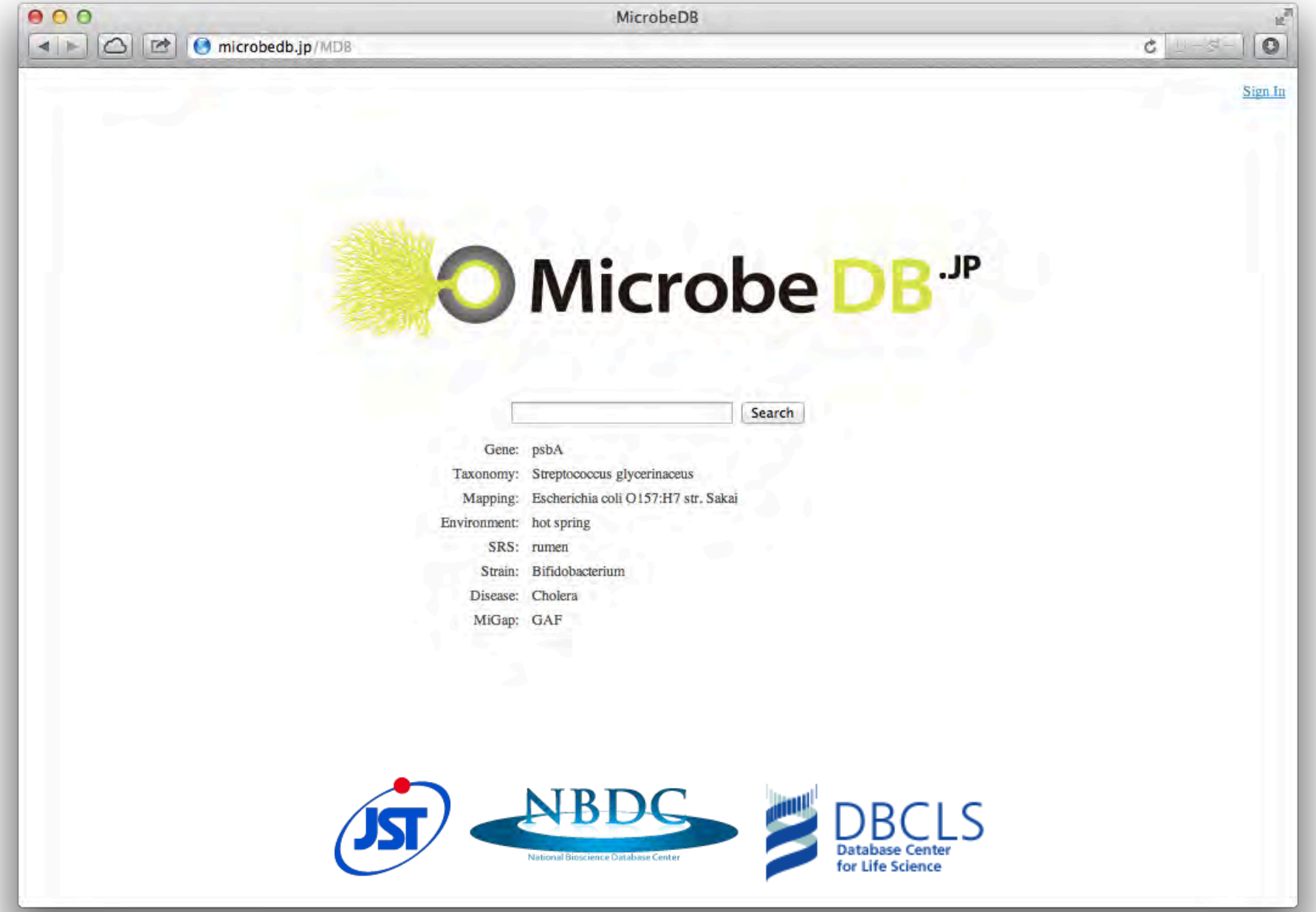
微生物サンプリング　DNAの抽出　DNAシーケンシング（新型シーケンサー）　Bioinformatics 解析

メタゲノムデータ=ゲノムデータ+環境メタデータ

全てのデータをゲノムを核として統合する



http://microbedb.jp/



【研究テーマ】工業排水の細菌群集構造解析

1.工業廃水における細菌群集構造は？

→細菌群集構造を明らかにする

2.サンプル間でどのような変化がある？

→サンプル（時系列等）ごとに細菌群集を比較する

3.どのような細菌種、遺伝子が環境因子と強い相関を持つ？

→環境因子と強い相関を持つ遺伝子・種の探索

4.同様の環境ではどのような細菌群集が存在する？

→同様のメタデータを持つサンプルとの比較

5.同様の細菌群集はどのような環境に存在する？

→同様の細菌群集構造を示すサンプルとの比較