

## ゲノム、メタゲノムに潜む潜在的機能ポテンシャルの評価

○高見英人<sup>1</sup>、谷口丈晃<sup>2</sup>、守屋繁樹<sup>3</sup>、桑原智巳<sup>4</sup>、金久 實<sup>3</sup>、五斗 進<sup>3</sup>

<sup>1</sup>海洋機構、<sup>2</sup>三菱総研、<sup>3</sup>京大化研、<sup>4</sup>香川大 医

微生物ゲノム、メタゲノム解析の目的の一つは、微生物、あるいは微生物群集が持つ機能をゲノム、メタゲノム配列情報から引き出し、環境適応能や生態系形成に及ぼす微生物の役割とそれを担う主な機能を理解することにある。それには、ゲノム、メタゲノム配列情報から、リファレンスゲノムとの比較解析を通してオーソログ関係を抽出し、オーソログの機能分類や由来生物情報などから潜在的機能ポテンシャルを把握する必要がある。しかしながら、これまでの COG による機能分類では、機能カテゴリーが僅かに 17 と非常にラフであり、代謝、輸送、情報伝達等に関しても、個別の機能単位で詳細に比較できない。そのため、個別微生物や微生物群集の潜在的機能の抽出や比較には限界があった。そこで本研究では、単にオーソログ単位ではなく、代謝反応や輸送、情報伝達を担う複合体単位でゲノム、メタゲノムが持つ潜在的機能ポテンシャルを詳細に網羅的に評価するため、KEGG module を用いた評価方法の検討を行った。この方法を用いて、極限環境 *Bacillus* 属の潜在的機能比較や腸内細菌叢の比較及びヒト機能との相補関係などを調べたところ、これまでのオーソログ解析でだけではわからなかった新たな機能的特徴を見いだすことができたので、報告する。