

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名：超高速遺伝子解析時代の海洋生態系評価手法の創出
2. 研究代表者名及び主たる研究参加者名(研究機関名・職名は研究参加期間終了時点):

研究代表者

木暮 一啓 (東京大学大気海洋研究所 教授)

主たる共同研究者

岩崎 渉 (東京大学大学院理学系研究科 准教授)

福場 辰洋 (国立研究開発法人海洋研究開発機構 技術研究員)

3. 事後評価結果

○評点:

A 優れている

○総合評価コメント:

本課題は海洋における微生物群集の機能を中心とした生態系・生物多様性を 100 の遺伝子マーカー(100GSA)で評価する手法を、試料の採取のための現場型 DNA アーカイバの作成から対象遺伝子のプローブ設計などを含めて開発することを目的としているが、当初立てた目的を達成するために必要となる様々な技術の開発は、ほぼ達成された。特に評価の高い技術開発としては、遺伝子情報に新たな付加価値を加えたことで広範な利用が期待されるメタメタデータベースの開発や、ビーズキャプチャー法の応用などがある。また、100GSA を検討して行く中で、メタゲノム情報からのポリマー凝集系の遺伝子発見や、海洋微生物におけるナトリウムイオン排出性のロドプシン (NaR) の発見などは学術的にも高く評価される。

一方、どの海域の何を評価するための 100GSA の組み合わせはこれである、という様な 100GSA の選択基準を明確にすることが課題として残されている。また、24 連アーカイバの完成が遅れたためこの装置を使つての具体的な 100GSA による生態系の評価が遅れている点は懸念が残る。

今後、使い捨て型の超小型次世代シーケンサーの普及が目前に迫っていることから、本研究で開発したアーカイバをさらに高度化して塩基配列までも現場で可能なシステムを構築し、遺伝子情報を海洋の現場で使えるような研究環境を目指して欲しい。また、今回発見された海洋微生物の新しい機能とそれを発現させる遺伝子の特定は今後イノベーションに結びつく可能性があるため、そのための情報発信にも期待したい。