

## P-063

# GHOSTX を搭載した MAPLE 2.3 による生理・代謝機能ポテンシャルの評価

○荒井 渉<sup>1</sup>, 谷口 丈晃<sup>2</sup>, 竹本 和広<sup>3</sup>, 守屋 勇樹<sup>4</sup>, 五斗 進<sup>4</sup>, 高見 英人<sup>1</sup>

<sup>1</sup>海洋研究開発機構・海底資源, <sup>2</sup>三菱総研・生活, <sup>3</sup>九工大・生命情報工学, <sup>4</sup>京大・化研

E-mail: w-arai@jamstec.go.jp

我々は、微生物、および微生物生態系の持つ機能ポテンシャルの解明を目的として、ゲノム・メタゲノム配列からの生理・代謝機能評価するシステム MAPLE(Metabolic And Physiological Potential Evaluator)を開発し、2013年末から GenomeNet(<http://www.genome.jp/tools/maple/>)を通じて公開している。本システムが生理・代謝機能のデータベースとして用いている KEGG モジュールは、KEGG パスウェイマップをもとに定義されており、複数のオーソログ遺伝子(KO: KEGG Orthology)から構成されている。MAPLE システムは個別ゲノム、環境メタゲノムなどから得られた遺伝子セットを対象として、KEGG モジュールへのマッピングおよび、そこから得られるモジュールの充足率(MCR)に基づく生理・代謝機能の評価するツールである。この基本的機能に加え、MAPLE2.3では各代謝機能を担う生物種の割合、充足されたモジュールの abundance の違いに基づく代謝機能バランス、統計的有意性(Q-value)についても評価を行うことが可能となった。したがって、本システムを用いることで、微生物コミュニティを構成するバクテリアとアーキアの比率や phylum レベルの生物種分類をはじめとして、環境中にある生理・代謝機能ポテンシャルとそれを担う微生物種、各機能の abundanceなどをハイライトし、異なる環境間での比較を容易に行うことができる。また、複数の大規模配列を用いる場合に問題となる計算時間に関して、検索エンジンを BLAST から GHOSTX に変更することにより以前と比べ約 1/2 以下まで短縮することができた。本発表では、Global Ocean Sampling project から公開されているサルガッソー海域及びガラパゴス諸島周辺海域の海洋メタゲノム配列(各サンプルおよそ 120 万リード)を用いた比較機能解析を例として、MAPLE 2.3 の概念と使用方法、解析結果について報告する。