

冷温極限環境から採られたメタゲノムより検出した既知及び機能不明タンパク質の解析

近藤伸二
国立極地研究所

Metagenomic analysis of known and hypothetical proteins found in cold extreme environments

Shinji Kondo
National Institute of Polar Research

Known and hypothetical proteins found in metagenomic datasets sampled from permafrost and glaciers were characterized by comparing them with those found in metagenomes sampled from tropical and temperate zones. First, features of amino acids, codon usage and mutations from mesophilic and thermophilic proteins of the known proteins and their functional significance likely associated with temperature will be presented. Next, features of hypothetical proteins highlighted in contrast to those of tropical and temperate zones will be presented. Lastly, the effectiveness of this comparative metagenomic approach to characterize hypothetical proteins toward their functional annotation will be discussed.

永久凍土、氷河等の冷温極限地域から採られたメタゲノムデータ上で検出された既知及び機能不明な（ハイポセティカル）タンパク質のアミノ酸配列を熱帯及び温帯地域のメタゲノムより検出されたタンパク質と比較解析した。最初に、既知タンパク質配列のアミノ酸組成、コドン使用、中温・好熱タンパク質との変異の傾向、及びそれらの機能との関連を報告する。次に、冷温極限地域から検出されたハイポセティカルタンパク質群を熱帯及び温帯地域のメタゲノムより検出されたハイポセティカルタンパク質配列と対比し判明した特徴について報告する。最後に、この温度の著しく異なる環境間の比較メタゲノム解析法のハイポセティカルタンパク質群の機能推定を含むアノテーションへの有効性について議論したい。