

マングローブおよび周辺水圏に生息する微生物のメタゲノム・メタトランスクリプトーム解析
Metagenomic analysis of microorganisms in mangroves and surrounding aquatic habitats

国立研究開発法人海洋研究開発機構 超先鋭研究開発部門 超先鋭研究開発プログラム
長谷川 万純

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、マングローブ林およびその周辺水圏に生息する微生物のうち、主に原核生物を対象にメタゲノム・メタトランスクリプトーム解析を行っている。今年度は、日本国内の複数のマングローブ林にて採集した堆積物サンプル(一部の地点では経時調査を実施)から得られたシーケンスデータについての解析を行った。

スーパーコンピュータにインストールされているバイオインフォマティクスツールを用いて、シーケンスデータのクオリティチェック、アセンブリ、ビニング、bin の統合を行い、再構築ゲノムを取得した。取得した再構築ゲノムは、CheckM によるクオリティチェックと、GTDB-Tk を用いた系統のアノテーションを行った。加えて、コンティグの定量化による各再構築ゲノムのサンプルごとの平均アバンダンスの算出や、シーケンス配列セット全体を用いた微生物の多様性比較解析を行なった。その結果、潮汐変化にともなう細菌多様性の変化や、特定の潮汐タイミング・マングローブ林でのみ見られる細菌種の存在を見出した。

現在は、再構築ゲノムの取得に加え、CAT を用いたコンティグの系統アノテーションによるサンプルごとの比較や、マングローブ林の堆積物サンプルに加えて、マングローブ林内の河川水、および沿岸水サンプルから得られたシーケンスデータについても解析を進めている。