

バイオインフォマティクスを利用したメタゲノム解析

Metagenomic analysis using bioinformatics

京都大学 化学研究所 バイオインフォマティクスセンター 化学生命科学研究領域 彌永杏華

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、湖沼に生息する微生物の環境ゲノム解析を行なった。主として、(1) 異なるプレフィルタを使用した環境微生物のメタゲノム解析と (2) その結果を用いたビニング精度向上の解析を行なった。対象データは琵琶湖2地点の微生物ウイルス群集の単離株に由来するメタゲノム情報である。(1) に関しては、プレフィルタは環境微生物の組成に影響を与えることが明らかになった。特に細菌に関しては、選別に関して細胞サイズによる影響が非常に大きいことが示唆された。また、未だに細胞サイズが不明瞭な細菌に関して、既に細胞サイズが周知されている細菌の情報と照合させることで、単離培養に関してさらなる可能性を提起した。さらに、メタゲノム解析において低採取率が課題とされる巨大ウイルスに関して、プレフィルタを変えることによる採取率向上の可能性を提起した。(2) では (1) で見られた組成の違いが differential coverage binning に応用できる可能性が示唆された。この結果は、メタゲノム解析のサンプリングにおけるコスト削減と採取期間の短縮に有用である。また、サンプル採取が困難な場所での MAG 作成にさらなる飛躍をもたらし、メタゲノム解析を発展させる可能性を有する。