

細菌群集ネットワークの動態予測
Prediction of microbiome dynamics

京都大学 生態学研究センター 東樹研究室 藤田博昭

研究成果概要

細菌群集動態を予測する上で、種間相互作用の方向と強さを知ることは必要不可欠な要素である。近年、開発され、生態学にも応用されてきた Empirical dynamic modelling という手法は、種間相互作用の向きと強さを、時間点ごとに推定することを可能とさせる。しかし、具体的な相互作用の中身までは分からない。そこで、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、培養系における細菌群集のメタゲノム解析を行い、群集の持つ遺伝子構造を調べることで、群集機能を明らかにし、Empirical dynamic modelling が示す種間相互作用を解明する。

6つの異なる環境に属する細菌群集(8個のレプリケート)、110日間培養し、24時間ごとにサンプリングし、合計で5280サンプルを得た。全てのサンプルに対して、既知濃度の標準DNAを混ぜ込み、定量的に16S rRNA amplicon sequenceを行い、Amplicon sequence variace (ASV)を推定した。その後、Empirical dynamic modellingにより、各ASVの種間相互作用を予測した。機能解析には、ある一つの細菌群集について、10日ごとの合計12サンプルを、ショットガンメタゲノムシーケンスにかけた。その後、得られた配列情報を用いて、ゲノムアセンブリ(metaSPAdes)を行い、得られたコンティグをビンニング(MetaWRAP)して、ドラフトゲノムを得た。そして、機能アノテーション(Prokka)を行い、群集の機能の時間変動について調べた。現在は、ASVとドラフトゲノムを対応させることを試みている段階である。そのために、1. ショットガンメタゲノムシーケンスで、16 rRNAを網羅的に取れているかを確認するため、phyloflashを使い、rRNAのみをアセンブリ、またそれに対して、生リードをマッピングしてやることで、もれなく取れているかを確認し、2. 得られたドラフトゲノムにマッピングできなかった割合を見ることで、ドラフトゲノムのクオリティを確認したところ、90%のリードはマッピングできていたので、系統のアノテーションの結果から、ASVとドラフトゲノムを対応させて、昨日解析を行う予定である。

発表論文(謝辞あり)

該当なし

発表論文(謝辞なし)

該当なし