

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にて採集した堆積物・海水・汽水サンプルから得られたシーケンスデータ、およびデータベースにて公開されているマングローブとその周辺水圏の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、CheckM2 によるクオリティチェックと、GTDB-Tk2 を用いた系統のアノテーションを行った。加えて、kaiju によるタンパク質レベルでの系統推定、および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、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、マングローブ堆積物中の微生物群集構造、および潮汐変化と場所の違いが群集構造へ与える影響について明らかにした。

また、マングローブおよびその周辺水圏の公開データより光利用関連の機能遺伝子のホモログを発見し、その系統を明らかにするとともに、機能・構造解析を行い、原著論文として発表した。

発表論文(謝辞あり)

Hasegawa-Takano M., Hosaka T., Kojima K., Nishimura Y., Kurihara M., Nakajima Y., Ishizuka-Katsura Y., Kimura-Someya T., Shirouzu M., Sudo Y., Yoshizawa S., “Cyanorhodopsin-II represents a yellow-absorbing proton-pumping rhodopsin clade within cyanobacteria”, The ISME J., 18(1), wrae175, 2024, doi: 10.1093/ismejo/wrae175