

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

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、細菌群集動態の予測ならびに、機能解析を行った。細菌群集の持つ機能は、時に人に対してメリットを及ぼすため、医療や農業などの応用分野において注目されている。しかし、細菌群集の組成は少しの摂動により大きく変化しうる。そのため、細菌群集の組成の変化を予測することは基礎研究、応用研究において重要である。本研究は、変化が生じた 48 の細菌群集を用いて Empirical dynamic modelling を用いた時系列予測を行い、群集変化のメカニズムに踏み込むために、Shotgun metagenome sequencing を行って群集機能がどのように変化したかを明らかにした。

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 の個体群動態を予測し、その精度を評価した。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。その結果、持っている機能遺伝子が類似するバクテリアは培養初期で個体数を減らしていき、培養の終わりには持っている機能遺伝子が類似しないバクテリアが生存することがわかった。本研究の結果は、論文に投稿中である。