

魚類腸内細菌における機能多様性の解明

Revealing functional diversity of microbial community in fish gut

京都大学 生命科学研究科 統合生命科学専攻 生態進化学分野 藤田博昭

研究成果概要

本研究では、1年にわたってサンプリングした魚の飼育水槽水における細菌叢の時系列サンプルを解析している。ある時間点において、細菌を1細胞ずつ単離し、ゲノム解析を行うシングルセルゲノム解析を行なった。その際に、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た。魚の飼育水槽水から得られた 784 のサンプルに対して、SPAdes、Platenuous_B、Unicycler を適用し、ゲノムを再構築した。CheckM を用いて Single amplified genome (SAG) のアセンブリ評価を行なった。最も成績が良かった、Unicycler で得られた SAG に対して、GTDBtk を用いた種の同定を行い、Eggnog-mapper を用いて遺伝子予測を行なった。さらに、Phylophlan を用いて、得られた SAG に近縁な Bacteria を探索した。

魚の飼育水槽水から得られた SAG は、主に CPR と呼ばれるバクテリアであり、相対存在量は数%であるものの、地下水や湖沼といった自然環境下だけでなく、人の口内や、活性汚泥システムといった人工環境と幅広い環境から見つかっている。CPR はゲノムサイズが小さい上、不完全な生合成代謝経路を持つことから、他の細菌と共生関係にあると考えられてきた。一部の単離培養の成功例があるものの、多くの CPR の生態系内における役割は未知とされている。

本研究の系統解析から、8 つの異なる Phylum に属する CPR SAG がのべ 27 個得られた。また、既存のクレードとは異なる遺伝子構成を持つクレードの存在が示唆された。

今後は、reference ゲノムに SAG をマッピングしてやることで、どのような機能が既存のクレードと異なるのかを明らかにしていく。また、定量 16S rRNA amplicon 解析を行うことで、細菌叢の時系列データを取得し、因果推論を用いて、CPR と因果関係にあるバクテリアを列挙する。そして、ゲノム解析の結果を統合することで、CPR が細菌群集における役割を明らかにしていく予定である。