

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 (fastp, MEGAHIT, seqkit, MetaBAT2, MaxBin 2.0, CONCOCT, MetaWRAP 等) 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、およびコンテイン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と多様性が、マングローブの樹種・場所・深さの影響を受けることを明らかにした。

また、上記のマングローブ堆積物から得られた再構築ゲノムについて、prokka を用いた遺伝子アノテーションを行った。さらに、再構築ゲノムに限らない各サンプルのシーケンスデータについて、DRAM を用いて代謝経路を予測し、特に炭素に関連する代謝遺伝子に関して比較を行った。