

海洋微生物のメタゲノム解析

京都大学 大学院農学研究科 応用生物科学専攻 海洋環境微生物学分野 中川 聡

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、海洋性無脊椎動物に共生する未培養微生物のメタゲノム解析を試みた。

海洋性無脊椎動物は、抗菌ペプチドや抗がん剤といった未利用の生理活性物質の宝庫として注目されている。それらの生理活性物質の多くが、無脊椎動物自身ではなく、共生する微生物群により生産されている例が多数報告されるようになってきている。海洋性無脊椎動物の共生微生物に関しては、主に海綿やサンゴをモデルとして、微生物の種類や生理機能が極めて精力的に研究されている。共生微生物の活動が無脊椎動物の生理状態を制御する、といった画期的な知見が明らかとなる一方で、多様な無脊椎動物の共生微生物群集を包括的に微生物生態学的見地から研究した例は極めて少ない。

今回、海洋性無脊椎動物の中でも、特に棘皮動物の共生微生物を対象として、その性状解明を目的としてメタゲノム解析を実施した。配列データは次世代シーケンサーにより得たが、試料の特性上、宿主配列の混入は避けられないため、相同性検索だけでなくビニング等が不可欠である。

まずローカル環境において構築した予測遺伝子群を含む **fasta** ファイルを **BLAST** 検索に供し、共生微生物に由来する可能性が高い多数の遺伝子配列を特定することに成功した。

次にビニング等を試みようとしたが、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムにおいて、ユーザーが利用可能なディスク領域がシーケンスデータと比べて小さすぎ、スーパーコンピュータでないとできないような解析は行うことが出来なかった。サポート窓口に問い合わせたが、1 ヶ月以上待っても回答が得られないため、化学研究所スーパーコンピュータシステムの利用は停止し、以降の解析には他の計算システムを利用することとした。

発表論文(謝辞あり)

発表論文(謝辞なし)