

竹山 春子

早稲田大学理工学術院
教授

シングルセルゲノム情報に基づいた海洋難培養微生物メタオミックス解析による環境
リスク数理モデルの構築

§ 1. 研究実施体制

(1)「バイオ計測」グループ

- ① 研究代表者:竹山 春子 (早稲田大学 理工学術院、教授)
- ② 研究項目
 - ・シングルセルメタゲノム解析
 - ・次世代型マリンメタオミックス解析
 - ・メタトランスクリプトーム解析
 - ・メタメタボローム解析

(2)「沖縄」グループ

- ① 主たる共同研究者:須田 彰一郎(琉球大学 理学部、教授)
- ② 研究項目
 - ・瀬底島周辺定点からの経時的環境データの回収
 - ・同定点からの定期採集の水質データの解析

(3)「計算機解析」グループ

- ① 主たる共同研究者:藤渕 航 (京都大学 iPS 細胞研究所、教授)
- ② 研究項目
 - ・ 海洋微生物のオミックスデータベースの構築
 - ・ 海洋微生物グラントゲノム解析法の構築

§ 2. 研究実施の概要

(1) 研究の目的と概要

サンゴ礁域が生物多様性の高い地域であることは良く知られている。一方、近年の地球温暖化の影響による高水温に伴うサンゴの白化現象や、おもに人為活動による陸域からの赤土流入などにより、サンゴの生育環境は大きく攪乱している。サンゴ礁は非常に脆弱な環境であり、透明度高く貧栄養の環境が必要とされているが、その詳しい成り立ちと環境の理解、保全・再生の方法は確立していない。

サンゴには褐虫藻をはじめとする多種多様な微生物が生息しているが、共生・共在細菌も重要な役割を担っている。しかしながら、それら共在微生物と、宿主であるサンゴや環境との相互関係がどのように成り立っているかはまだ理解されていない。本研究の目的は、サンゴ礁環境のより正確な理解と、その理解に基づくリスク変動予測をおこなうことにある。その目的のために、サンゴ共生・共在細菌等を分子生物学的手法により解析し、環境指標となる情報を取得することを目指す。また、それらを可能とするシングルセル解析手法、オミックス解析手法の開発を行う。同時に、サンゴ礁の水温や濁度などの環境データを継続的に計測し、分子生物学的数据と環境データと有機的に統合することで、環境リスク予測モデルの構築に繋げていく。

(2) H25 年度の研究実施内容

サンゴ共在微生物のシングルセル解析に向け、サンゴ共在細菌の回収、シングルセルの分取、およびシングルセルからの全ゲノム増幅、の一連の実験系の確立を行った。また、サンゴ礁の海水に棲息する細菌群の全転写産物「メタトランスクリプトーム」の、RNA 抽出から次世代シーケンサーを用いた解析に至る一連の実験系を確立した。加えて、サンゴ共在細菌のオミックス情報とサンゴ礁環境の物理化学的データを登録するデータベースの整備を行うとともに、サンゴと、サンゴの主要な共在微生物である褐虫藻のゲノム情報のデータベースへの登録を行った。

以上の各種バイオ情報の計測技術と解析基盤の整備とともに、実際のサンゴ共在細菌群のモニタリングを行う目的で、沖縄県瀬底島周辺の、サンゴ被度が高い「瀬底南」と被度が低い「イシカワバル」の2定点において、5月、8月、11月および2月の4度にわたり、対象種としたウスエダミドリイシと、その群体周辺の海水のサンプリングを行った。その結果、1) 季節ごとにサンゴ共在微生物群が大きく変動すること、および2) 季節によっては2定点間でサンゴ共在細菌叢が大きく異なること、の2点の興味深いデータを得た。また、サンゴ周辺海水中の細菌群のメタトランスクリプトームのモニタリングも昨年度後半より開始しており、やはり季節変動が見られている。

環境の物理化学的データについては、一年を通じて継続的に水温、塩分、溶存酸素等の各項目を測定した。その結果、それらの各測定項目のうち、全窒素濃度、全リン濃度および濁度について、イシカワバルにおいて数値がより高い傾向があり、2定点は物理化学的環境条件が実際に異なることが判明した。なお、対象種以外のサンゴについてであるが、H25年度は、8月後半から2定点で白化現象が観察された。サンゴ共在細菌叢の変動は、白化現象を引き起こした環境変化を鋭敏に反映した結果である可能性がある。

また、整備したデータベースと既知情報を活用し、サンゴー褐虫藻ー共在細菌の相互関係を代謝に着目した情報学的解析を行った。その結果、健康なサンゴにおいてはそれら3種の生物間に代謝物の相互補完関係が成立するが、白化サンゴでは細菌叢が変化するために補完関係が崩れることが示唆された。この3者間の補完関係が実際に存在するか否か、そしてその相互関係の実体がどのようなものであるのかについては、シングルセルを基盤とするメタゲノム解析により解明が可能であると考えられる。

(3) 今後の展望

H25 年度の結果を踏まえ、H26 年度では、2 定点での環境の違いや環境変化をよく反映するサンゴ共生細菌を情報学的に選定しつつ、選定した細菌種のシングルセルゲノム解析を行い、サンゴ－褐虫藻－共生細菌の相互関係に関する知見を得ていく。また、環境の変化や白化現象に伴い変動する細菌種を特定する目的で、室内水槽実験を行う。さらには、サンゴ共生細菌群のメタトランスクリプトーム解析の実現に向けた技術開発を行っていく予定である。

§ 3. 成果発表等

(3-1) 原著論文発表

論文詳細情報(国内)

なし

論文詳細情報(国際)

なし