

竹山 春子

早稲田大学
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
 - ・生態機能情報チップの作成と活用
 - ・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
 - ・海洋微生物グランドゲノム解析法の構築
 - ・海洋汚染度・生物多様性・カタストロフィー予測法の開発

§ 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、透明度が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・再生の方法は確立されていない。

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行うことにある。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) H26 年度の研究実施内容

サンゴ共在細菌群のモニタリングを行う目的のために、沖縄県瀬底島周辺でサンゴ被度が高い「瀬底南」と被度が低い「イシカワバル」の 2 定点、および今年度新たに選定した「旧棧橋」の計 3 定点において、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 4 度にわたって行った。それらサンプルのサンゴ共在細菌の菌種組成解析と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解析から、季節による差異と定点間の差異を見出した。

同時に、環境の物理化学的データについては、複数の多項目水質ロガーを定期的にメンテナンスし再投入することで、水温、塩分、溶存酸素等の各項目を高精度かつ継続的に測定するサイクルを確立した。主要定点であるイシカワバルと瀬底南については、地形図とサンゴ種別の被度マップを作成し、地形と生物相も含めて現場環境を把握する体制を整えた。

上記のサンプリング、解析とともに、シングルセルゲノム解析のための検討を推し進めた。特に、H26 年度は、マイクロ流体デバイスを用いたノンバイアスな全ゲノム増幅系の構築に注力した。加えて、サンゴ共在細菌のごく微量な mRNA の解析を達成するために、微量 mRNA の増幅技術の構築と、その有用性の実証をサンゴの単一ポリプを用いた実験により行った。

以上の解析から産出される大量データの解析基盤を前年度に引き続き整備した。データベースの整備とともに、シングルセルゲノム解析パイプラインと高速解析システムの構築を行った。

(3) 今後の展望

H26 年度の結果を踏まえ、H27 年度では、環境の違いや環境変化をよく反映するサンゴ共在細菌のメタゲノム、メタトランスクリプトーム解析とともにシングルセルゲノム解析を、各種条件検討を行いながら行う。また、サンゴ礁海水におけるメタトランスクリプトーム解析から得られる情報も入れて環境データとともに環境リスク予測モデルの構築を進める。H26 年度の解析からも、各地点での生物因子の変化が見出され始めていることから、構築される環境リスク予測モデルの有効性は高いと期待できる。