

土壌の攪乱によるマイクロバイオームの変動

加藤 広海 （東北大学大学院 生命科学研究科 ポスドク研究員）

微生物は地球上の広範な環境に棲息し、各環境に特有な菌叢を形成しながら、生態系にとって必須な機能の根幹を担っている。特に土壌は地球にある様々な環境の中でも、最も生物多様性が高い環境であることがわかってきた。目紛しく変動する環境の中で、土壌微生物が莫大な多様性や菌叢構造をどのように形成・維持しながら、土壌機能を発揮しているのかを理解することは、21世紀の大きなチャレンジのひとつである。現在のところ、環境中の微生物の99%以上は実験室環境下では培養できないため、微生物菌叢のメンバー構成や機能遺伝子の解析は、培養を介さずに土壌DNAをまるごとシーケンスして解析するメタゲノム解析が有効である。近年のシーケンス技術の低コスト化によって、世界規模で様々な環境のメタゲノムデータが爆発的にカタログ化されている一方で、個々のメタゲノムが特定の環境変化に対してどのようにレスポンスするかに関しては、極めて情報が少ない。そこで我々は、環境因子をコントロールした土壌（閉鎖系）の経時的なメタゲノム解析を実施することで、汚染化学物質による一時的な攪乱によって土壌マイクロバイオームがどのように変動するかを調べた。また土壌を滅菌し、“誰も居ない”土壌環境に微生物コミュニティを移植して長期モニタリングすることで、当該土壌におけるマイクロバイオームの安定性を調べることにした。

本研究では、Roche 454 シーケンサーおよび Illumina シーケンサーを用いて経時的に土壌メタゲノムを解析するため、リード処理や各種データベースとの相同性解析には膨大な計算量が必要とされる。そこで、国内外の細菌の各種オミックスデータが統合された MicrobeDB.jp (<http://microbedb.jp/MDB/>) と同様のパイプラインで自分のメタゲノムデータを解析できる Web アプリケーション MeGAP (MetaGenome Annotation Pipeline) と、MicrobeDB.jp 上の既存のメタゲノムデータと比較解析できる Web アプリケーション MeGAP-MicrobeDB.jp を用いて解析した。その結果、土壌微生物は汚染化学物質（芳香族化合物）による攪乱に対し、菌叢を劇的に変化させることで当該物質の代謝ポテンシャルを増加させるとともに、汚染浄化後には元の菌叢に戻る傾向があることを見出した。また滅菌土壌への移植実験では、1 年後には一般的な他の土壌バイオームと似た菌叢に安定的に戻ることがわかった。メタゲノム解析では非常に多くの生物項目と遺伝子項目の比較が必要である一方で、全体として他のバイオームとどの程度違うのか、という鳥瞰的な解釈も重要になる。MeGAP を利用することで容易にメタゲノム解析および既存のメタゲノムデータとの比較解析が可能になった。