

メタゲノミクスで探る東京湾沿岸の藻類・プロティスト相 Microbial eukaryotes living in the coastal marine of Tokyo bay insights from the metagenome

横山 亜紀子^{1*}, 守屋 繁春², 稲垣 佑司¹, 橋本 哲男¹, 白鳥 峻志³, 中山 剛¹, 石田 健一郎¹, 井上 勲¹
YOKOYAMA, Akiko^{1*}, Shigeharu Moriya², Yuji Inagaki¹, Tetsuo Hashimoto¹, Takashi Shiratori³, NAKAYAMA, Takeshi¹,
Kenichiro Ishida¹, INOUE, Isao¹

¹ 筑波大学生命環境系, ² 理化学研究所・基幹研究所, ³ 筑波大学大学院生命環境科学科

¹ Faculty of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba, ² Advanced Science Institute, RIKEN, ³ Graduate school of Life and Environmental Sciences, University of Tsukuba

塩基配列決定技術の革新的な進歩は、その微細さ故に研究が遅れていたピコプランクトンの存在や多様性を白日の下に晒し、難培養性生物群での系統分類学的研究を急速かつ簡便に行うことを可能とした。さらに環境メタゲノム解析による大規模な配列取得で、これらの生物が極めて多様な環境に生育し、バイオマスとしても膨大に存在することが知られるようになってきた。したがって、マイクロビアルループ、さらには地球生態系の物質循環システムにおける、生産・消費・分解者としての、真核微生物の果たす役割は極めて重要である。しかしながら、その実体が不明、あるいは形態情報に基づく記載と系統的位置がリンクしていない生物が数多く存在するなど、真核生物の多様性の実態解明はその端緒についたばかりといっても過言ではない。ましてやその生理・生態的な情報はほとんどわかっておらず、真核微生物の生態系への影響評価のためには、まずその系統分類学的な情報に基づく実態を、正確かつ網羅的に把握する作業が必要とされている。我々の研究グループでは、生物種とオミクス情報に基づく環境物質の同時フェノタイピングによる相関解析で、水圏生態系の藻類・プロティスト複合系の生態構造解明と未知生物の分類学的解決を目指したプロジェクトを展開している。この一環として、プロジェクト研究対象地域である東京湾沿岸における真核藻類・プロティスト相の網羅的な把握のため、2010年の初夏から初冬の東京湾沿岸の環境試料を、サンガー法による18S rDNAの環境配列決定した。BLAST検索および系統解析に基づいて生物種のアノテーションを行い、同所における真核微生物相とその季節消長の解明を行った。

調査対象期間全体を通じて得られた環境配列のうち、オピストコンタ、ストラメノパイル、アルベオラータが、それぞれ約25%ずつを占め、残りがリザリア、クリプト藻、緑色植物、紅藻、カタブレファリス、テロネマ、ハプト藻などに由来した。東京湾では、初夏から秋にかけて大規模な赤潮が発生するため、ラフィド藻の*Heterosigma akashiwo*の赤潮時には、表層水では取得配列の半数以上が同藻に由来するが、数メートル下から採水した試料では繊毛虫や寄生性渦鞭毛藻類が優占するなど、実際の生物量を反映した配列が取得された。夏期には取得配列の大半が中心類珪藻由来となるが、オピストコンタの配列も数多く取得できた。その大半はメタゾアに由来し、菌類は盛夏以外ではほとんど検出されず、ツボカビ類は8月のみ大量に検出された。一方、ピコピリ藻類と完全に一致する環境配列や、MAST(MARine STRamenopile)などの海産ストラメノパイルと近縁性を示す配列も確認できた。さらにBLAST検索で既知生物と90%以下の相同性を示す環境配列が多数取得されたことは、東京湾のような普遍的水圏環境においても、新規分類群や分類学的処置の必要な真核微生物が多数存在することを強く示唆するものである。現在それらの生物の実体解明に向け、形態観察と塩基配列取得をリンクさせた研究手法の技術開発にも取り組んでいる。

キーワード: メタゲノム, 環境配列, 藻類, プロティスト, 水圏生態系

Keywords: Metagenome, Environmental sequences, Algae, Protist, aquatic ecosystem