

琵琶湖水中におけるウイルスメタゲノム解析

Metagenomics of viruses in Lake Biwa

京都大学大学院 工学研究科 都市環境工学専攻 沈 尚

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、琵琶湖水中のウイルスのメタゲノム解析を実施した。2018年9月～2019年4月にかけて琵琶湖北湖今津沖中央(全水深90 m)において、表水層(0.5 m)と深水層(60 m)から採水した。採水したサンプルのウイルス画分(～0.2 μm)を鉄共沈法および超遠心密度勾配法で濃縮・精製した。その後、DNA抽出を行い、ショットガンシーケンス(Miseq, 2×300bp)を実施した。スーパーコンピュータシステム上にて、得られたリードのクオリティーチェック(FastQC)を行い、アセンブリ(SPADES)を得た。

12のサンプル(表水層6ヶ月、深水層6ヶ月)から302の完全長ウイルスゲノムと10,185のウイルスゲノムの断片を得ることができた。これらについて、同種の冗長性を排除するため、塩基配列相同性95%でクラスタリングを行った結果、172の完全長ウイルスゲノムおよび3,626のウイルスゲノムの断片にクラスタリングすることができた。完全長ゲノムについて、GC含有率は29.9～69.7%、長さは～124.9 kbpであった。

またこれらの完全長ウイルスゲノムに対してピローム配列のマッピングを行い、出現頻度(FPKM)を算出した。その結果、成層期(2018年9月～2019年1月、4月)では、表水層と深水層でウイルス群集が異なることが明らかとなった。また、循環期(2019年2～3月)では、鉛直混合によるウイルス群集の均一化が示唆された。出現頻度の解析では、表水層だけでなく、年間を通して細菌の活性が低い深水層においても、個々のウイルスゲノムで季節変動が確認された。これらの結果も宿主の分布パターンが反映されたものだと考えられる。

今後は、DNA抽出まで完了している残りのサンプル(2019年5月～12月)についてもピローム解析を実施し、1年を通じたウイルス多様性および季節変動を明らかにする予定である。さらに重要度の高い細菌-ウイルス感染系の抽出やそれらの炭素循環への影響を明らかにする計画である。

発表論文(謝辞あり)

なし

発表論文(謝辞なし)

なし