

湖沼に生息する細菌・ウイルスのメタゲノム解析
Metagenomics of prokaryotes and viruses in freshwater systems

産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門
生物資源情報基盤研究グループ 岡崎 友輔

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、湖沼に生息する細菌およびウイルスのメタゲノム解析を行っている。全国の大水深淡水湖の湖心で鉛直的に採水して得た細菌・ウイルスサンプルより DNA を抽出、断片化し、ショートリードシーケンサーでシーケンスした。得られた生リードは、クオリティコントロール(fastp, Trimmomatic, Cutadapt を使用)を行った後、metaSPAdes を用いてアセンブルした。細菌サンプルから得られたコンティグは MetaBAT を用いてビンニングし、checkM でクオリティチェックを行った後、PhyloPhlAn 及び GTDB-tk を用いた系統解析を行い、ドラフトゲノムを得た。ウイルスサンプルから得られたコンティグは VirSorter によってフィルタリングを行い、さらに環状(=完全長)にアセンブルされたものを ccfind を用いて決定した。細菌及びウイルスゲノムにコードされている遺伝子を prodigal で予測し、得られたアミノ酸配列は NCBI nr、UniRef および eggNOG データベースに対するホモロジー検索、さらに pVOG および pfam データベースに対する hmm による高感度な検索によって機能アノテーションした。先行的に研究を実施している琵琶湖からはこれまでに 57 の細菌のドラフトゲノム、4158 個のウイルスゲノム断片(そのうち 183 本は完全長ゲノム)が得られ、淡水環境に普遍的に生息する細菌系統の高品質(completeness>80%, contamination<10%)なゲノムが多数得られた。ウイルスゲノムについては保有遺伝子等に基づく宿主予測を行い、主要な細菌系統に感染するとみられるウイルスを新たに多数特定した。さらに時系列で採集したサンプルのリードをマッピングしカバレッジを計算することで、各細菌・各ウイルスの現存量の変動を推定した。その結果、比較的安定な環境と思われていた深水層でもウイルスは活発にホストの溶菌に寄与していること、表水層では Actinobacteria に感染するウイルスが多様性・現存量ともに高く、生態系内で量的に重要な機能を担っている可能性が示された。これらの研究成果は今年度論文として発表した。その他の湖のサンプルについても、順次同様の解析を進めているところである。

発表論文(謝辞あり)

Okazaki Y, Nishimura Y, Ogata H, Yoshida T, Nakano S. (2019) Genome-resolved viral and cellular metagenomes revealed potential key virus-host interactions in a deep freshwater lake. *Environmental Microbiology*, 21: 4740-4754.