

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

京都大学 化学研究所 化学生命科学研究領域 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環境ゲノム解析を行っている。対象データは、琵琶湖沖において2水深、12カ月にわたり採集した原核生物画分の24サンプルに由来し、ショートリードおよびロングリードシーケンサーを併用して得られたハイブリッドメタゲノム、およびショートリードシーケンサーによって得られたメタトランスクリプトームデータである。メタゲノムについては昨年度までに、アセンブリ、コンティグのエラー補正、ピニングを行い、湖水中の微生物のドラフトゲノムカタログを得た。今年度は、これらのゲノム配列を対象に、ゲノムの微小多様性(Microdiversity)の検出を試みた。具体的には、inStrainによるショートリードを用いた塩基多型の検出と、Snifflesによるロングリードを用いた構造多型の検出を行った。その結果、各ゲノム1 Mbpあたり平均約25000個の塩基多型、構造多型についてはゲノム当たり平均35個程度の挿入または欠失が検出された。さらに、時系列サンプルの解析から、個体数が著しく減少し遺伝的ボトルネックがかかることがゲノムの多様化を著しく制限する要因であることを明らかにした。また多型の大多数が遺伝子コード領域と重複しており、その遺伝子機能の解析から、ウイルス感染に対する防御がゲノム多様化をもたらす主要因の一つであることが示唆された。本研究成果(論文執筆中)は、湖沼細菌の高品質ゲノムを多数構築したのみならず、環境中の微生物群集を対象にゲノムの微小多様性の実態を塩基・構造多型の両側面から網羅的に解明した初の成果である。メタトランスクリプトーム解析では、上述のメタゲノム解析で得られたゲノムに、転写産物由来のシーケンスリードをマッピングすることで、琵琶湖沖の微生物生態系において、「いつ、どこで、誰の、どの遺伝子が、どれくらい発現しているのか」という情報を得ることを目的とした。具体的には、SortMeRNAでrRNAに由来するリードを除去したのち、bwaでマッピングを行い、FADUを用いて遺伝子ごとに標準化したリード数(TPM)を得た。琵琶湖深層における硝化関連遺伝子の多量の発現が明らかになるなど、湖沼微生物生態系をとりまく理解を深化させる情報が得られつつあり、現在引き続き解析を進めている。

発表論文

なし