

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

国立環境研究所 琵琶湖分室 沈 尚

研究成果概要

琵琶湖北湖沖帯定点(全水深 90 m)の表層と深層において採水を行った(2018 年 9 月～2019 年 4 月)。湖水を孔径 0.2 μm のフィルターでろ過し、ろ液をウイルス画分とした。ウイルスは鉄共沈法と塩化セシウムを用いた超遠心密度勾配法で濃縮・精製した。その後、DNA を抽出し、virome 解析へ供した。得られたウイルスコンティグ(13,761 種、>10kbp)の遺伝情報や細菌の tRNA 領域・CRISPR スペーサー領域などから宿主の推定を行った。各ウイルスコンティグの相対存在量は FPKM (fragments per kilobase per million reads) として求め、季節変動を追跡した。孔径 0.2 μm のフィルター上に捕集された細菌の群集構造・季節変動は、16S rRNA 遺伝子の V3-4 領域を対象としたアンプリコンシーケンスを用いて明らかにした。宿主を推定できた 2,780 種のウイルスコンティグと 125 の優占細菌種(少なくとも 1 サンプルにおいて相対存在量が 1%以上である細菌を優占種と定義)に対して、共起ネットワーク解析を実施し、細菌種とウイルス種の感染の組み合わせを推定した。

表層では 80 の細菌種に対して、1 種以上のウイルスが共起性を示し、感染組み合わせの総数は 2,546 であった。これらの組み合わせの多くでは、宿主細菌の存在量が急激に増加した月にウイルスの存在量も増加していた。本研究では 1,608 種の細菌が検出されたため、共起性が検出された細菌種は全体の 5%程度である。しかし、この 80 種の細菌の相対存在量を合計すると 40～59%であった。さらに優占細菌グループごとに着目すると、各細菌グループの存在量に対して、Cyanobacteria では最大 86%、Bacteroidetes では最大 61%、Alphaproteobacteria では最大 92%がウイルス感染を受けていることが示唆された。これは水圏において、細菌の死亡に対してウイルス感染が原生動物による捕食と並ぶ主要な要因であるという従来の知見を指示する結果であり、琵琶湖でもウイルス感染が細菌の死亡要因に対して重要であることを意味している。また、表層に比べて細菌生産量が 100 分の 1 程度である深層においても、急激な増減を示す細菌種およびそれに感染するウイルスが検出された。