

湖沼に生息する微生物の環境ゲノム解析
Ecogenomics of microbes 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、主に湖沼に生息する微生物の環境ゲノム解析を行っている。対象データは国内外の淡水湖沼をはじめとする、環境中の微生物・ウイルス群集およびその単離株に由来するメタゲノム・メタトランスクリプトーム・シングルセルゲノム情報である。スーパーコンピュータにインストールされたバイオインフォマティクスソフトウェアを用いて、シーケンスリードのクオリティコントロール、アセンブリ、ビニングを経たゲノム構築および遺伝子予測、リードマッピングに基づくゲノム相対存在量・遺伝子相対発現量の決定、ゲノム微小多様性の解析を行った。さらにスーパーコンピュータ上に整備されている各種バイオインフォマティクスデータベースを活用し、配列アライメント、隠れマルコフモデル、タンパク質構造予測に基づく遺伝子の機能アノテーションや、微生物ゲノム中のウイルス由来ゲノム断片の抽出に基づく感染状況の評価を行った。特に、ロングリードマッピングやシングルセルゲノム解析を用いた、微生物やウイルスのゲノムの微小多様性の解明に注力しており、これまでに数百を超える環境細菌のシングルセルゲノム情報から、細胞ごとに異なる「個性」とも言うべき極めて多様化の進んだ遺伝子領域が存在すること等を明らかにした。これらの成果は以下の通り国際学術誌にて発表済み、または現在発表準備中である。

発表論文(謝辞あり)

- Fujita H, Ushio M, Suzuki K, Abe SM, Yamamichi M, Okazaki Y, Canarini A, Hayashi I, Fukushima K, Fukuda S, Kiers T, Toju H. (2023) Metagenomic analysis of ecological niche overlap and community collapse in microbiome dynamics. *Frontiers in Microbiology*, 14:1261137
- Zhao H, Zhang R, Wu J, Meng L, Okazaki Y, Hikida H, Ogata H. (2023) A 1.5 Mb continuous endogenous viral region in the arbuscular mycorrhizal fungus *Rhizophagus irregularis*. *Virus Evolution*, 9: 2, vead064.
- Hikida H, Okazaki Y, Zhang R, Nguyen TT, Ogata H. (2023) A rapid genome-wide analysis of isolated giant viruses using MinION sequencing. *Environmental Microbiology*, 25: 11, 2621–2635
- Nishimura Y, Yamada K, Okazaki Y, Ogata H. (2024) DiGAlign: versatile and interactive visualization of sequence alignment for comparative genomics. *Microbes and Environments* (in press)