

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、ピ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。特に今年度は Nanopore シーケンサーを用いた解析に注力し、GPU ノードを用いたベースコーリングや、ショートリードデータとのハイブリッドアセンブリによる細菌単離株の完全長ゲノムの構築に本システムを活用した。さらに現在、シングルセルゲノムデータに基づく環境微生物のゲノムの微小多様性に着目した研究や、大規模メタゲノムデータに微量に含まれる動植物のゲノム断片情報に着目した生態学的な研究にも取り組んでいる。共同研究も含め、本システムを活用した今年度の成果は以下の通り国際学術誌にて発表した。

発表論文(謝辞あり)

- Fang Y, Meng L, Xia J, Gotoh Y, Hayashi T, Nagasaki K, Endo H, Okazaki Y, Ogata H. (2024) Genome-resolved year-round dynamics reveal a broad range of giant virus microdiversity. *mSystems*, e01168-24
- Yang Q, Yang Y, Xia J, Fukuda H, Okazaki Y, Nagata T, Ogata H, Endo H. (2024) Taxon-specific contributions of microeukaryotes to biological carbon pump in the Oyashio region. *ISME Communications*, ycae136
- Zhang L, Meng L, Fang Y, Ogata H, Okazaki Y. (2024) Spatiotemporal dynamics of giant viruses within a deep freshwater lake reveal a distinct dark-water community. *The ISME Journal*, wrae182
- Wu J, Meng L, Gaña M, Hikida H, Okazaki Y, Endo H, Ogata H. (2024) Gene transfer among viruses substantially contributes to gene gain of giant viruses. *Molecular Biology and Evolution*, 41: 8, msae161