

琵琶湖沖に生息する細菌・ウイルスのメタゲノム解析
Metagenomics of prokaryotes and viruses in pelagic Lake Biwa

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、琵琶湖を中心とする様々な大水深淡水湖の水中に生息する細菌・ウイルスのメタゲノム解析を行った。琵琶湖においては9か月×2水深、その他の湖（池田湖・本栖湖・十和田湖・支笏湖・Maggiore 湖・Zurich 湖等）においては1回の調査で3～5水深より採水し、得られた湖水からフィルターにて細菌画分(0.2–5.0 μm)を分離、DNA を抽出し、Hiseq, Miseq または Nextseq シーケンサーによるショットガンメタゲノムシーケンスを行った。さらに琵琶湖についてはウイルス画分(<0.2 μm)の濃縮・精製サンプルより DNA を抽出し、ウイルスのショットガンメタゲノムシーケンスを行った。得られたシーケンスリードは SPAdes を用いてアセンブリした。得られた細菌ゲノムの品質は checkM にて、ウイルスゲノムの品質は terminal redundancy の有無によって評価した。ゲノム上の遺伝子は Prodigal によってアミノ酸配列に翻訳した後、UniRef90 データベースに対する DIAMOND による相同性検索等によってアノテーションした。

その結果、これまでに琵琶湖のサンプルにおいて、57 の細菌ドラフトゲノム、183 の完全長ウイルス配列が得られた(その他の湖のサンプルは解析中である)。細菌ゲノムからは acI, LD12, Limnohabitans, 等の、淡水湖において量的に優占し、物質循環や微生物食物網において重要な機能を担うと考えられる系統のゲノムが多数得られたほか、深水層のメタゲノム解析からは、琵琶湖深水層で優占する CL500-11, Nitrospira, MGI 等の系統のゲノムも得られた。そのうち、CL500-11 は深水層の全細菌の現存量の約 25%を占めることもある特に優占的な系統であるが、ゲノム上にコードされた遺伝子の解析から、ペプチドのトランスポーター遺伝子を多数保有していることや、光の届かない深水層に生息しているにも関わらずロドプシン遺伝子を保有していることなど、興味深い生理・生態的な特性が明らかとなった。さらに欧州や北米の湖で同様に得られた CL500-11 ゲノムとの比較からは、琵琶湖に生息する CL500-11 と大陸由来のものとの間に「種」レベルの遺伝的な差異が見られ、異なる湖に生息する細菌の間に明確な遺伝的な隔離があることが示された。一方、ウイルスメタゲノムからは優占的な細菌系統に感染すると見られるウイルスや、ホストは不明だが現存量が非常に多いウイルス等、生態学的に重要とみられるウイルスの候補を新たに多数特定することができた。

発表論文(謝辞あり)

Mehrshad M, Salcher MM, Okazaki Y, Nakano S, Šimek K, Andrei AS, Ghai R. (2018) Hidden in plain sight—highly abundant and diverse planktonic freshwater Chloroflexi. Microbiome 6: 176.