

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

工学研究科 都市環境工学専攻 環境質管理分野 沈 尚

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、琵琶湖水中のウイルスのメタゲノム解析を実施した。2018年9月～2019年12月にかけて琵琶湖北湖今津沖中央(全水深90 m)の表水層(0.5 m)と深水層(60 m)から採取した試料を使用した。採水したサンプルのウイルス画分(～0.2 μm)を鉄共沈法および超遠心密度勾配法で濃縮・精製した。その後、DNA抽出を行い、ショットガンシーケンス(Miseq、 $2\times 300\text{bp}$)を実施した。スーパーコンピュータシステム上にて、得られたリードのクオリティーチェック(FastQC)、アセンブリ(SPAdes)を行い、10 kbp以上を解析対象とした。

654の完全長ウイルスゲノムと21,889のウイルスゲノムの断片を得ることができた。これらについて、同種の冗長性を排除するため、塩基配列相同性95%でクラスタリングを行った結果、409の完全長ウイルスゲノム(EnV)および19,800のウイルスゲノムの断片にクラスタリングされた。さらにこれらのウイルス種ごとに各月、各水深で出現頻度(FPKM)を求めたところ、水温躍層が最も強く形成される7～9月(表水層と深水層の水温差15～20°C)では表水層と深水層でウイルス群集の組成が大きく異なることが明らかとなった。この時期では、深水層での出現頻度が全出現頻度の95%以上を占めるEnVが81種存在した。同様に、別の117種では95%以上が表水層に棲息していた。ところが、水温躍層が崩れてゆくにつれ、このようなウイルス群集の二分化も弱まり、循環期(2019年2、3月)には二つの水深で組成が均一化していることが明らかとなった。

発表論文(謝辞あり)

発表論文(謝辞なし)