

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 バイオインフォマティクスセンター 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・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、シーケンサーから出力された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を行い、その品質評価、遺伝子予測、さらに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、およびゲノムの種内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、配列相同性検索、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を行った。また本システムの GPU ノードを活用し、Nanopore シーケンサーの生データからのベースコールを行い、得られたロングリード情報を活用した高精度なゲノムアセンブリを行った。

特に今年度は琵琶湖沖の細菌群集のシングルセルゲノム解析およびその単離株の詳細なゲノム解析に注力した。このうちシングルセルゲノム解析では、各細胞に由来するリードに含まれるウイルス由来のシグナルを検出することで、「どの系統にどのウイルスがどの程度の感染率で感染しているか」を網羅的に明らかにした。その結果、ウイルス感染率や宿主との相互作用は宿主系統内でも系統間でも多様であり、宿主の生態学的戦略を反映していることを示す結果が得られた。特に環境中で優占する宿主では、ゲノム内に細胞間レベルで異なる「個性」ともいえるほどに多様化した領域が存在し、これがウイルスと宿主の特異性や進化的関係性に寄与している可能性が示された。

発表論文(謝辞あり)

- Liu W, Nagasaka K, Wu J, Ban H, Mimick E, Meng L, Neches RY, Moniruzzaman M, Yoshida T, Nishimura Y, Endo H, Okazaki Y, Ogata H. (2025) Giant viruses specific to deep oceans show persistent presence and activity. *mSystems*, e00932-25
- Okazaki Y, Nishikawa Y, Wagatsuma R, Takeyama H, Nakano S. (2025) Contrasting defense strategies of oligotrophs and copiotrophs revealed by single-cell-resolved virus–host pairing of freshwater bacteria. *ISME Communications*, ycaf086