

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

京都大学 生態学研究センター 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、琵琶湖沖の水中に生息する細菌およびウイルスのメタゲノム解析を行った。2016年の5月から12月にかけて琵琶湖沖定点(35°12'58"N 135°59'55"E; 水深 73 m)の表水層(5 m)および深水層(65 m)より採水を行い、細菌画分(0.2~5.0μm)とウイルス画分(0.2μm 未満)それぞれからDNAを抽出・精製し、Miseq (2×300bp)によるショットガンシーケンスを行った。得られたリードは、スーパーコンピュータシステム上にて、SPAdes 3.10.0 を用いてアセンブルした。

ウイルスについては、表水層・深水層合わせて50以上の完全長とみられるゲノムが得られ、5000以上のゲノム断片(>5kbp)が得られた。総じて、表水層と深水層のウイルス群集は異なっていたが、一部両水深層に共通して出現するウイルスも存在した。この傾向は宿主(細菌)群集でも見られることから、各ウイルスの分布パターンは、それぞれの宿主の分布パターンを反映していると考えられる。季節変動も見られ、安定した環境と思われていた深水層でも、ウイルス群集は季節的に大きく変化していることが明らかとなった。また表水層では夏季のシアノバクテリアの優占に合わせて多数のシアノファージとみられる断片が見られた一方、深水層では深水層特異的な細菌系統(CL500-11、MG1 等)を宿主にするとみられるウイルスの断片が複数見つかった。今後はこれらのウイルスが宿主の現存量や代謝能に及ぼす影響に注目し、その生態系・物質循環へのインパクトを明らかにする予定である。

細菌メタゲノムにおいては、SPAdes でアセンブリされた塩基配列断片に対し、4-mer およびサンプル間のカバレッジの差異を用いてクラスタリングする手法(binning) を用いた。これにより、各細菌系統のMAG(Metagenome Assembled Genome)を構築し、琵琶湖の表水層および深水層に生息する優占的な細菌系統のゲノムを90%以上のCompletenessで得ることができた。今後は個々の細菌系統のゲノム情報からその生理代謝能を分析し、生態系・物質循環における機能や重要性を明らかにする予定である。

発表論文

なし (1月からの利用であったため論文発表は来年度の予定)