

「ロングリードアンプリコンシーケンスで紐解く湖沼細菌の系統内多様性」

岡崎 友輔 博士

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 助教

湖沼微生物生態学における大きな謎の一つが、湖は互いに物理的に隔離された生態系であるにもかかわらず、世界中の湖に共通して生息する細菌系統が多数存在することである。これらのコスモポリタンな細菌系統の系統内多様性の解明は、その普遍的分布の系統地理的背景を明らかにするのみならず、環境中の微生物の分散や進化のメカニズムを解明する可能性を秘めた重要な研究課題である。しかし、従来のショートリード 16S rRNA 遺伝子アンプリコンシーケンス解析では、系統内多様性を評価するのに十分な解像度が得られなかった。そこで本研究では、国内 9、欧州 2 の 11 の淡水湖で採集した細菌 DNA サンプルを対象に、16S rRNA 遺伝子と、それに隣接し、より系統解像度の高い ribosomal internal transcribed spacer (ITS) 領域を含む、約 2000bp のアンプリコン解析を、PacBio CCS リードを用いて行った。ショットガンメタゲノムリードとの比較解析により、十分量の CCS リードが得られていれば、1 塩基解像度での多様性解析が可能であることが示された。解析の結果、ショートリードの解像度では検出不可能であった系統内多様性が、同一サンプル内、湖間、時系列間で存在することが明らかとなった。特に、日本と欧州の湖の細菌間では塩基配列に明確な差異があり、地理的隔離が存在することが示された。今後、ロングリード解析の高精度化、低コスト化を背景に、16S rRNA 遺伝子を超えた系統解像度での解析が前提となっていくことで、ショートリード解析の解像度で捉えられていた環境微生物の多様性や普遍性の従来像は刷新を迫られることになるだろう。