

メタゲノムを利用した NCLDV の新規補助代謝遺伝子の探索

Metagenome analysis to discover novel auxiliary metabolic genes in NCLDV

京都大学化学研究所 化学生命科学研究領域 宮崎 うらら

研究成果概要

本研究では、核細胞質性大型 DNA ウイルス (NCLDV) と宿主の相互作用に関する新たな知見を得るために、NCLDV の補助代謝遺伝子 (AMG) を探索した。環境ゲノムデータとして、*Tara Oceans* のメタゲノムデータを元に Tom Delmont 氏 (Genoscope) が復元した冗長性のないウイルス再構築ゲノム (MAG) を用いた。まず、GeneMark を用いて NCLDV の MAG にコードされた遺伝子を予測し、RPS-BLAST/CDD でそれらの機能ドメインをアノテーションした。リファレンスとして、ゲノムネットの Virus-Host DB からダウンロードした培養ウイルスゲノムから検出される個々の機能ドメインの頻度を調べ比較した。その結果、MAG がコードする 18 万を超える遺伝子のうち、4,815 個の遺伝子にウイルスの遺伝子としてはこれまでに報告されていない機能ドメインが存在していることがわかった。これらの新規ウイルス AMG 候補には、翻訳や光合成、細胞骨格に関わる遺伝子の相同配列が含まれた。本研究では、これら遺伝子の細胞内での役割やウイルス感染過程における機能を考察した。さらに、新規ウイルス遺伝子の代謝経路と既知ウイルス遺伝子の代謝経路を比較するとともに、ウイルス遺伝子の発見された代謝系の傾向を調べることで、ウイルス感染が宿主代謝系に総合的に与える影響についても示唆を得た。

発表論文(謝辞あり)

発表論文(謝辞なし)

なし