

複数種の赤潮の消長過程におけるウイルス叢遷移様態の網羅的解析

Comprehensive analysis of viral succession
during the transition of multiple types of algal blooms

高知大学 自然科学系理工学部門 高橋迪子

研究成果概要

高知県浦ノ内湾は全長約 12 km に対して湾口が約 1 km の細長い入り組んだ湾であり、年間を通じて様々な種類の赤潮が遷移する。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、浦ノ内湾で採取した試料から単離されたアメーバ感染性ウイルスの配列解析を行った。本研究において、複数のウイルスゲノムのアセンブリや遺伝子予測、分子系統解析等を本システムのソフトウェアおよび計算資源を用いて行った。現在、単離された 16 株の全てについてアセンブリが完了し、系統解析に着手した段階である。

今年度はスーパーコンピュータシステムを用いた解析に初めて取り組んだため、解析手順やスクリプトの実行等、基本的な手順を習得した後、ゲノムのアセンブリや系統解析を進めてきた。次年度は、構築されたウイルス配列を基に分子系統解析を進め、得られたデータをまとめ論文文化を目指す。