

深海特異的巨大ウイルスの遺伝子解析
Genetic analysis of deep-sea specific giant viruses

京都大学 理学研究科 生物科学専攻 生物物理学教室 微生物生態進化学 長坂孔明

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、深海特異的の巨大ウイルスの同定と、そのためのウイルスゲノムのデータセット作成を行なった。

巨大ウイルスは真核生物に感染する二本鎖 DNA ウイルスであり、他のウイルスに比べて大きな粒子径とゲノムサイズを持つ。巨大ウイルスは全球海洋に分布し、主に原生生物を宿主とする系統群が優占することが知られる。また、系統群によって地理的な分布特性や保有遺伝子の種類が異なり、宿主生物や環境に応じた適応戦略を有することが示唆されている。海洋深層は表層と比較して光エネルギーや有機物が制限要因となり、巨大ウイルスの宿主となる真核生物の現存量が少ない。したがって、深海に特異的に存在する巨大ウイルスは適応に関する遺伝子を持っていると考えられる。本研究では、深海に特有な巨大ウイルスおよびその遺伝子を調査することで、深海への適応戦略の可能性を模索することを目的とする。また、そのためのデータセットとして、海洋由来の巨大ウイルスの MAG、その他のウイルスも含む contig のデータベースを作成することも目的とする。

3,308 個の非冗長な巨大ウイルス MAG、一定の品質基準を満たす 2,547,742 個の contig が得られた。このデータセットを用いて、上記の通り深海適応遺伝子の発見を試みる。