

海洋窒素固定生物に感染するウイルスの探索
Exploring potential phages infecting marine diazotrophs

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

佐藤 拓哉

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、海洋窒素固定生物に感染するウイルスの探索を実施した。*Tara Oceans* プロジェクトをはじめとした公開されている環境ウイルスゲノムおよび、海洋窒素固定生物のゲノムを整理することで、窒素固定生物に感染するウイルス探索に必要なウイルス側と宿主側のデータベースを整理した。次いで、スーパーコンピュータ上に整備されている各種バイオインフォマティクスツールを用いた解析を両データベースに対して行うことで、窒素固定生物を宿主とする可能性が高いファージコンティグの予測を行った。

さらに、窒素固定が卓越することが知られる日本近海からのサンプル採取も実施し、次年度以降の解析データの準備も行った。2023 年 7~8 月にかけて西部北太平洋亜熱帯海域の複数測点において、表層水(10 m)を採水した。採水したサンプルのウイルス画分(< 0.2 μm)を鉄共沈法および超遠心密度勾配法で濃縮・精製した。その後、DNA 抽出を行い、ショットガンシーケンシングを実施した。同測点において、得られた原核生物画分の DNA・RNA の採取、調整、一部シーケンシングを行った。今後は、シーケンシングにより得られたリードのアッセンブリ等の解析を実施することにより、西部北太平洋亜熱帯域に生息する窒素固定生物およびその感染ウイルスを明らかにする予定である。