

一酸化炭素酸化菌と水圏ウイルス、原生生物の分子生物学的研究

Molecular biology of carboxydrotrophs, aquatic viruses, and protists

京都大学 農学研究科 吉田 天士

研究成果概要

水圏ウイルスは、微生物への感染を通じて微生物群集組成の動態や代謝に多大な影響を与える。そのため水圏ウイルスの分布パターンの解明は地球規模の物質循環をモデル化する上で重要である。そこで大阪湾における月に一度のサンプリングと24時間3時間ごとの周期的サンプリングを行い、微生物群集と水圏ウイルスのメタゲノム解析を行った。またウイルス感染培養系を用いたメソコズム実験による微生物群集に日周をもたらず分子機構の解明を試みている。

日周性の分子機構の解明に先立ち、一次生産者である赤潮藻類が1日ごとの微生物・ウイルス群集構造に与える影響を明らかにした。メソコズム培養系を用い、赤潮形成ラフィド藻*Heterosigma akashiwo*および赤潮形成珪藻*Chaetoceros* sp.が微生物-微生物感染性ウイルス動態に及ぼす影響を調査した。両赤潮形成種培養液から調整した細胞内容物(それぞれHIFおよびCIF)に、大阪湾定点で採水した海水中の微生物群集を添加した。培養後7日間、微生物を種内個体群レベル(ASVs)で、ウイルスを種レベル(vOTU)で動態を追跡した。ASVの組成はHIFおよびCIF区間で違いが生じ、前者では*Vibrio*属や*Pseudoalteromonas*属、後者には*Polaribacter*属やRhodobacterales目のASVが特異的に増加した。さらに前者では*Vibrio*感染性ウイルス、後者ではBacteroidetes感染性ウイルスやRhodobacterales感染性ウイルスが含まれ、このうち16のvOTUの宿主は同一実験区で特異的に優占したASVと一致する系統であった。このような共起動態は大阪湾メタゲノムデータにおいても確認され、環境中でも生じることが明らかになった。以上より、赤潮形成藻類種の違いは系統的に異なる微生物の増殖を促し、それらの微生物に感染するウイルスの動態にまでその差異が及ぶことが示唆された。

月に一度の動態調査で海洋優占微生物種(株レベル)の内、ラン藻に注目し、ウイルスとの相互作用と日周的感染過程を明らかにした。大阪湾定点より海水を3時間毎に10回採取し得た原核生物画分とウイルス画分から、DNAとRNAを抽出した。これらを16S rRNA遺伝子解析および原核生物とウイルスのメタゲノム、メタトランスクリプトーム解析による日周転写動態に供した。ラン藻では、一つの*Synechococcus*属ASVのみが優占し、これと共存する2系統(属レベル)150以上のラン藻ウイルスが見出された。これらウイルスが宿主光合成と同調して一斉に感染することを明らかにした。

発表論文(謝辞あり)

1. Takebe, T., Tominaga, K., Isozaki, T., Watanabe, T., Yamamoto, K., Kamikawa, R., Yoshida, T. Taxonomic difference in marine bloom-forming phytoplanktonic species affects dynamics of both bloom-responding prokaryotes and prokaryotic viruses. *mSystems*. DOI: <https://doi.org/10.1128/msystems.00949-23> (2024年2月13日受理)
2. Shen, S., Tominaga, K., Tsuchiya, K., Matsuda, T., Yoshida, T. and Shimizu, Y. Virus-prokaryote infection pairs associated with prokaryotic production in a freshwater lake. *mSystems*, 9, e00906-23, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1128/msystems.00906-23>
3. Tominaga, K., Takebe, H., Murakami, C., Tsune, A., Okamura, O., Ikegami, I., Onishi, Y., Kamikawa, K. and Yoshida, T. Population-level prokaryotic community structures associated with ferromanganese nodules in the Clarion-Clipperton Zone (Pacific Ocean) revealed by 16S rRNA gene amplicon sequencing. *Environ. Microbiol. Rep.* 16, e13224. DOI: <https://doi.org/10.1111/1758-2229.13224>