

水圏環境におけるウイルス・バクテリオファージのゲノム解析
Genome analysis of viruses and bacteriophages in aquatic environments

高知大学 医学部 外科学講座 高橋迪子

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、水圏におけるウイルスおよびバクテリオファージのゲノム解析を行った。下記に主な成果を示す。

1. 高知県浦ノ内湾の海底泥から単離されたアメーバ感染性ウイルスのゲノム解析を行った。具体的には、ウイルス由来の DNA から NovaSeq によるシーケンシングを行い、得られたリードについて本システムのソフトウェアおよび計算資源を用いてリードの前処理、ゲノム構築、遺伝子予測、分子系統解析を行った。その結果、少なくとも 4 つの系統から成る 12 株のアメーバ感染性ウイルス株が得られ、各々についてゲノムを構築することができた。現在、論文投稿し査読中である(謝辞記載あり)。
2. 赤潮原因藻 *Heterosigma akashiwo* に感染する DNA ウイルス HaV のゲノムを構築した。これまでに HaV の登録配列は 1 株のみに限られ、異なる宿主範囲をもつウイルス株を中心としたゲノム情報の拡充が必要とされていた。本研究では約 1300 通りの感染交叉性試験(宿主 60 株 × ウイルス 22 株)の結果から異なる種内特異性をもつ HaV 代表株を 4 株選抜し、各株についてゲノム解析を行った。HaV の DNA 由来のショートリードシーケンシング、ロングリードシーケンシング、および HaV 上の高度反復領域(74 aa×31 反復)をターゲットとしたロングリードアンプリコンを用いてリードの前処理、ゲノム構築を行った。現在、数カ所のギャップ領域をサンガーシーケンシング等で埋める作業を進めている。ゲノム構築が完了次第、ウイルス株間におけるゲノム比較解析を行う予定である。