

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、水圏ウイルスおよびバクテリオファージを対象としたゲノム解析を行った。下記に主な成果を示す。

1. 高知県浦ノ内湾で単離されたアメーバ感染性ウイルスについて、ゲノム配列を決定した。相同性解析の結果、分離株は既知の巨大ウイルスと高い相同性を示し、その系統関係がコア遺伝子の相同性によって裏付けられていることを報告した(謝辞記載あり)。
2. 赤潮原因藻 *Heterosigma akashiwo* に感染性 DNA ウイルス HaV を対象に、配列解析を行った。具体的には、HaV の DNA 由来のショートリードシーケンス、ロングリードシーケンス、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。今年度はコンティグ間のギャップを埋めるためのロングアンプリコンシーケンスを実施し、完全長ゲノムを構築しつつある。さらに、新たに異なる採水地点の海水から HaV を単離し、それらの高度反復領域についてもアンプリコンシーケンスおよび比較解析を進めている。
3. 制限修飾系を乗り越え宿主に適応したファージを対象に、そのエピゲノムを宿主のエピゲノムと比較した。バクテリオファージ KHP30 を異なる制限修飾系セットを保有するピロリ菌 3 株に多段階感染させることで、感染履歴の異なる適応ファージを 9 株作出した。エピゲノム解析の結果、適応ファージは最終宿主の保有する MTase 由来の DNA メチル化を獲得していたことが判明した。本研究は制限修飾系を乗り越えたファージにおける古くからの定説をエピゲノムレベルで実証した(謝辞記載あり)。

発表論文(謝辞あり)

1. Takahashi M^{*,#}, Hiraoka S^{*}, Matsumoto Y, Shibagaki R, Maeda H, Seo S, Nagasaki K, Takeuchi H, Matsuzaki S. Host-encoded DNA methyltransferases modify the epigenome and host tropism of invading phages. bioRxiv (2024). (* Equally contributed; # Corresponding author)
2. Morimoto D, Tateishi N, Takahashi M, Nagasaki K. Isolation of viruses, including mollivirus, with the potential to infect *Acanthamoeba* from a Japanese warm temperate zone. PLOS One, 19, e0301185 (2024).