

令和 6 年度 京都大学化学研究所 スーパーコンピュータシステム 利用報告書

沿岸域における水産生物に関するバイオインフォマティクス解析

Bioinformatics analysis of fisheries organisms in coastal areas

水産研究・教育機構 水産技術研究所 環境・応用部門 沿岸生態システム部
漁場生産力グループ 伴 広輝

研究成果概要

(例) 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、1) アマモ表面に形成されたバイオフィルム内のメタゲノム解析 2) ワカメゲノムにおける巨大ウイルス様内在配列の探索解析をおこなった。

1) ではアマモ葉上のバイオフィルムのサンプルから DNA を抽出しショートリードシーケンシングし、得られたリードからメタゲノム解析を行った。アセンブリをして得られたコンティグからバクテリアの MAG を作成し、それぞれの持つ遺伝子のアノテーションと機能予測を行った。今後はこれらのデータを用いてそれぞれのバクテリアの持つ生態学的役割について研究を行う。

2) では既存のワカメのゲノム配列から巨大ウイルス様内在配列の検出を行った。その結果ほぼ完全長の巨大ウイルス様配列が韓国のワカメ株のゲノムに挿入されていることが明らかになった。また複数株に由来する既存のショートリードシーケンスをアセンブリし、巨大ウイルスの **hallmark** 遺伝子の存在を調べたところすべての株にウイルスの **hallmark** 遺伝子が存在することが明らかになった。これらの結果は論文にまとめ、プレプリントとして公開したほか、雑誌に投稿中である。

発表論文(謝辞あり)

Ban H. Infection signatures of multiple Nucleocytoviricota virus lineages in the brown algae *Undaria pinnatifida* revealed by population-wide genome analysis. bioRxiv, doi: <https://doi.org/10.1101/2025.02.06.636530>