

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

東京大学 農学生命科学研究科 水圏生物環境学研究室
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、海洋ウイルスとくに窒素固定生物に感染するウイルスの探索、ならびに環境試料から得られた海洋シアノバクテリアの窒素利用の多様性の解明、を目的として実施した。主として、(1)現場試料のマルチオミクス解析、(2)公共データを用いた窒素固定性藍藻 *Trichodesmium* 属ならびに UCYN-A グループに感染するウイルスの探索を行った。(1)に関しては、西部北太平洋の表層メタゲノムサンプルのアセンブリ・ビニング、細胞外画分 16S rRNA メタアンプリコン解析を実施した。その結果、細胞画分とピローム画分からウイルスコンティグを構築することができた。さらに、これらのうち、高質コンティグに限定し宿主予測を行い全体の約 30%のウイルスコンティグについては宿主予測までを完了した。これらに対してメタトランスクリプトームリードをマッピングすることで、各ウイルスコンティグの感染活性について解析を行い、さらに宿主側の感染強度指標である細胞外画分 16S rRNA アンプリコンプロファイルとの比較を行った。両解析においても活発な感染・溶菌が示唆されたグループは一致し、両手法が整合的であること、さらに現存量が多いグループが特に感染の標的であることが示唆された。また、同メタゲノム試料から得られたリードを用いて海洋シアノバクテリア *Synechococcus* の亜熱帯集団と亜寒帯集団の保有遺伝子の違いも精査した。その結果、鉄が不足する亜寒帯集団では硝酸塩利用のための遺伝子をほとんど欠いておりアンモニア利用に特化した代謝を有していることが明らかになった。これらの成果は国際学会での発表を経て投稿論文として準備中である。(2)として窒素固定生物密度が高い過去シーケンシングデータからウイルス断片を抽出し感染ウイルスを予測することを試みた。具体的には、窒素固定性藍藻 *Trichodesmium* 属ならびに UCYN-A グループのピローム試料を対象にメタゲノム解析を行った過去の 100 以上のサンプルを再アセンブリし各種ウイルスコンティグ予測ツールを用いてウイルス断片を集積した。これらの配列を用いることで、感染ウイルスの推定を試みた。現在まで、複数のウイルス断片が候補として検出された。今後は、コンタミネーションなどの可能性を吟味しながらこれらの配列が環境中で発現していかなどの生態学的なデータの取得を継続し、成果公表を行う。