

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

京都大学 化学研究所 バイオインフォマティクスセンター

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を主目的として実施した。主として、(1)現場試料のメタゲノム解析とそれを用いた宿主予測、(2)公共データを用いた窒素固定性藍藻 *Trichodesmium* 属に感染するウイルスの探索を行った。(1)に関しては、昨年度に採取した西部北太平洋の表層メタゲノムサンプルのアセンブリ・ベニングを完了した。その結果、250のメタゲノムアセンブリゲノム(MAG)構築をすることができた。このうち、窒素固定生物のプロキシである *nifH* を保有する MAG は 1 つ得られ、コンティグレベルでは 4 つ得られた。同サンプルから得られたウイルス由来コンティグを用いてこれら窒素固定生物に感染するウイルスの推測を試みたが常法宿主予測アプローチではウイルス-窒素固定生物関係を見出すことはできなかった。また、メタゲノムサンプルによって得られたアセンブリデータを用いて、ピコシアノバクテリアの窒素代謝に関する明瞭な海域差を見出すことができた。次いで、(1)のウイルス予測結果を踏まえ(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* 属ブルームを対象にメタゲノム解析を行った過去の 98 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。これらの配列と *Trichodesmium* ゲノム配列を用いることで、感染ウイルス予測を行った。その結果、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結果を精査する。