

ウイルスは海洋生物多様性を創生・維持する素粒子か？

Are viruses elementary particles which maintain and produce microbial diversity in marine environments?

京都大学 農学研究科 応用生物科学専攻 吉田 天士

研究成果概要

海洋で微生物ウイルスは宿主への感染を通じ物質循環に影響を及ぼす。しかし、ウイルス株は培養可能な一部の宿主に由来し、環境で真に卓越するウイルス-微生物系の知見は限定的である。我々はウイルスメタゲノムより 1000 を超える新規の完全長ウイルスゲノム (EVGs) の構築に成功した。本研究では、これらのウイルスの定量的解析法を確立し宿主の推定を行った。

大阪湾定点で 3 時間毎に取水した試料を分画後、核酸を抽出した。鉄共沈法と密度勾配超遠心法でウイルスを精製した。宿主画分 DNA の 16S rDNA を PCR 増幅した。これらを MiSeq で配列決定した。ゲノム頻度を算出するため、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、ウイルスゲノムにリードをマッピングした。ゲノム頻度の定量性を検証するため、大阪湾由来 EVGs を qPCR で定量した。ウイルスと宿主の相対頻度に基づく階層クラスタリングを行い、宿主を推定した。

qPCR によるゲノム定量値とゲノム頻度は有意な相関を示した ($p < 0.001$)。EVGs はメタゲノムに高頻度に出現する配列であり、海洋に優占するウイルス由来であることが強く示唆された。本解析は、新規な OBV-N106 が最も高いゲノム頻度であること、新規古細菌ウイルスが高頻度であることを示すなど、従来の分離株に基づくウイルス生態像とは大きく異なる結果を示した。遺伝子構成から宿主が予測困難な EVGs のうち、6 EVGs はそれぞれ特定の系統の微生物と類似の出現パターンを示した。本成果により従来のウイルス生態学の課題が克服され、環境の網羅的なウイルス-宿主系の解析が可能となれば、海洋構造の理解へ大きな進展がもたらされると期待される。

発表論文(謝辞あり)

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て得られた成果を、論文として現在執筆中である。

発表論文(謝辞なし)