

メタゲノム解析によって得られた新規海洋ウイルスゲノムの多様性の解明

Marine viral genomes from metagenomes revealed new genomic and genetic diversity

京都大学 化学研究所 化学生命科学 西村 陽介

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て構築したバイオインフォマティクスパイプラインにより、大阪湾ウイルスメタゲノムと大規模海洋サンプリング計画である *Tara Oceans* のウイルスメタゲノム配列から、1,600 の完全長ウイルスゲノム(EVG)を再構築した。EVG とリファレンスウイルスゲノムとの配列比較を効率的に行うサーバーViPTreeを開発し、網羅的な解析を行った結果、EVG のほとんどはリファレンスゲノムとの類似度が低く、新規のウイルスゲノムであることが分かった。これまでのメタゲノム解析から海洋中に普遍的かつ大量に存在し、海洋微生物や物質循環に重大な影響を与えていることが示唆されてきた未知のウイルス群(ウイルスダークマター)は、単離培養が困難なことからゲノム配列を解読できなかったが、今回の解析でこれらのウイルスゲノム配列が大量に得られたと考えられる。また、EVG の幾つかはこれまでにウイルスが発見されてこなかった宿主グループに感染することが遺伝子配列解析から予測された。さらに、他の幾つかの EVG は細胞成長を促進させる遺伝子を数多く持っており、宿主細胞に対して協調的な感染戦略をとっていることが示唆されるなど、従来のウイルス観を超えた遺伝子多様性が発見された。これらの研究結果に関して学会発表を行い、論文投稿中である。