

大規模メタゲノム情報から紐解く細菌の環境適応におけるウイルスの役割

Using large-scale metagenomics data to investigate the role of virus in bacteria environmental adaptation

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 化学生命科学 渡辺帆乃花

研究成果概要

本研究では、巨大ウイルスゲノムを用いて、巨大ウイルスが保有する薬剤耐性遺伝子(ARG)や糖質活性酵素遺伝子(CAZyme)の同定を行った。また、これらの遺伝子を宿主へ供与しうる機構である可動遺伝因子(MGE)の同定も行い、これらの局在関係を明らかにすることで、MGEを介した宿主微生物への水平伝播可能性を検証した。

微生物はウイルスを介した遺伝子水平伝播により、環境適応することが知られている。しかしその機構は未解明な点が多い。近年、巨大ウイルスが、宿主の環境適応に寄与しうる ARG や CAZyme を保有することが明らかとなった(Irwin et al. 2022; Yi et al. 2024)。これらの遺伝子は、宿主内で機能することで、宿主の環境適応に寄与すると考えられるが、水平伝播機構は未だ明らかではない。

本研究では、GenBank データベースより単離株完全長ゲノムデータのみを収集し、Prodigal を用いて遺伝子予測を行った。その後、DIAMOND, HMMER, dbCAN3, DRAM を利用してアノテーションを行った。解析にあたり、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た。結果、220 の巨大ウイルスゲノムデータより、ARG(255 個)、CAZyme(830 個)、MGE(1190 個)が検出された。

遺伝子の配置がランダムであった場合に期待される中央値と比較して、ARG と MGE 間(中央値=24.0 kb, $p=0.36$)、CAZyme と MGE 間(中央値=25.2kb, $p=0.72$)は有意に近接している傾向はみられなかった。一方で、MGE として分類される遺伝子毎に詳細に近接関係を解析したところ、Endonuclease と ARG 間(中央値=25.3kb, $p=0.014$)、Recombinase と CAZyme 間(中央値=77.1kb, $p<0.0001$)において有意な近接がみられた。Endonuclease と ARG 間の近接は先行研究においても指摘されていた(Yi et al. 2024)が、Recombinase と CAZyme 間の有意な近接は新規の発見であった。