

ジャンボファージ XacN1 のゲノム解析
Genome analysis of jumbo phage XacN1

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研究領域 吉川 元貴

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、新規ジャンボファージ XacN1 のゲノム解析を行った。カンキツかいよう病は柑橘類における深刻な感染病の一つであり、病原菌である *Xanthomonas citri* が感染することで発生する。感染により、果実などに病斑を形成し商品価値を低下させるのに加え、落葉や枝枯れを起こして樹を衰弱させる。その防除には、従来、化学農薬が使われてきたが、環境汚染や残留農薬などが問題となっているため、安全な代替技術の開発が望まれている。XacN1 は *X. citri* に高い特異性を示す天敵ファージであり、ファージバイオコントロール(ファージにより病原性細菌を制御する)技術に有用であることが期待される。電子顕微鏡による観察の結果、XacN1 は直径約 140 nm の正二十面体頭部と 145 nm の伸縮性尾部からなる、大きなミオウイルス型粒子を示した。また、XacN1 は約 380 kbp のゲノムを持つことからジャンボファージ(ゲノムサイズが 200 kbp 以上のファージ)に含まれる。ジャンボファージは宿主の増殖を抑制しながら一定の共存状態を持続できるため、バイオコントロールに効果的であると言われている。本研究では、XacN1 のゲノムについて、コーディング候補領域(Open Reading Frame: ORF)の推定および機能アノテーションや tRNA 遺伝子の推定を行った。XacN1 のゲノム中に約 590 個の ORF が推定された。ORF のアノテーションにより、DNA 修復系遺伝子が多く見つかったほか、いくつかの遺伝子は宿主との特異的相互作用への関与が示唆された。また、宿主から水平伝播によって獲得した遺伝子は少ないと見積もられた。構造タンパク質を用いた分子系統解析により、XacN1 が他のジャンボファージの一部と進化的起源を共有することが示唆された。また、tRNA 遺伝子の推定により、ファージとしては最大数の tRNA 遺伝子が見出された。これらの tRNA 遺伝子は全てゲノム末端にあるリピート領域に存在し、20 種類全てのアミノ酸に対応していた。さらに、XacN1 がコードする tRNA 遺伝子のアンチコドンの種類はコドン頻度と関連があることが分かった。また、ファージのゲノムサイズと DNA 修復系遺伝子数の対応を調べた結果、ゲノムサイズと DNA 修復系遺伝子数に統計的に有意な正の相関が見られ、ジャンボファージがそれ以外のファージに比べて DNA 修復系遺伝子を多く持つことが明らかになった。この結果から、DNA 修復系遺伝子を多く保持することがジャンボファージに共通する特徴の一つであることが示唆された。

発表論文(謝辞あり)

発表論文(謝辞なし)

本年度は共になし。