

海洋プランクトン群集の網羅的死滅解析
Mortality analysis of marine plankton community

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 化学生命科学領域 菊矢咲季

研究成果概要

植物プランクトンを含む原生生物は、海洋生態系の基盤として機能する生物群であり、増殖と死滅を繰り返すことで生物地球化学的循環を駆動している。主な死滅要因にウイルス感染が挙げられ、ウイルスが引き起こす細胞溶解により、核酸を含む宿主の細胞内容物が、溶存態有機物 (Dissolved Organic Matter, DOM) プールに放出される。DOM は海洋炭素循環の性質を決める重要な因子であることから、プランクトンの細胞溶解過程の理解は物質循環を理解する上で重要な課題である。本研究では、ウイルス感染に伴う溶藻過程と生理変化に関する解析を行っており、ウイルス感染培養実験で採取した試料の RNA-seq 解析において、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。

解析には微量 RNA-seq で得られたリードを用い、スーパーコンピュータシステムにインストールされた各種バイオインフォマティクスソフトウェアを利用した。まず、シーケンスリードのクオリティコントロール、de novo アセンブリを実施し、宿主およびウイルスの遺伝子セットを構築した。その後、コード領域の予測と機能アノテーションを行い、リードマッピングに基づく遺伝子の相対発現量を定量した。

遺伝子発現変動解析の結果、培養日数やウイルス添加の有無などの培養条件の違いにより、遺伝子の転写産物量が大きく変動することが示された。また、発現変動が認められた遺伝子の中には、宿主の防御機構やウイルスの感染戦略に関連すると推定されるものが含まれており、感染の進行とともに宿主およびウイルスの様々な遺伝子の発現動態が変化し、ウイルスが宿主の生理機能を変化させることが示唆された。

これらの結果から、実験で実証された細胞溶解の分子マーカー rRNA に加えて、遺伝子発現解析を併用することで、細胞溶解に対するウイルスの寄与を推定できる可能性が示された。得られた知見を海洋観測へと応用することで、これまで遺伝学的調査が十分に行われていなかった溶存態 RNA に着目した研究が進展し、海洋微生物の細胞溶解を含めた群集動態に関する理解が深まることが期待される。