

一酸化炭素酸化菌と水圏ウイルス、原生生物の分子生物学的研究
Molecular biology of carboxydotrophs, aquatic viruses, and protists

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

植物プランクトンは、海洋における主要一次生産者である。これらによって生産された純一次生産は、原核生物に消費され、海洋物質循環の基盤を形成している。水圏ウイルスは、微生物への感染を通じて微生物群集組成の動態や代謝に影響を与える。そのため海洋物質循環の包括的な理解のためには植物プランクトン、原核生物、水圏ウイルスの相互作用を踏まえ、それらの動態を調査する必要がある。そこで大阪湾における月に一度のサンプリングを行い、微生物群集と水圏ウイルスのメタゲノム解析を行った。またメソコズム実験により、植物プランクトン由来有機物が微生物群集動態にもたらす影響の解明を試みた。

世界的に蔓延するブルーム形成性ラフィド藻類 *Heterosigma akashiwo* のウイルス感染細胞の溶解液が原核生物群集構造に変化を引き起こすかどうか、また、その要因となる代謝化合物を調査した。ウイルス感染した *H. akashiwo* の溶解液により、病原性 *Vibrio* 属が特異的に増殖した。*Vibrio* 種は分岐鎖アミノ酸輸送体の遺伝子モジュールを有しており、ガスクロマトグラフィー質量分析により、これらの分岐鎖アミノ酸がウイルス感染細胞由来有機物中に豊富に存在することが示された。ウイルス感染によって誘導される *H. akashiwo* 細胞の生化学的性質の変化が、分類学および代謝的に異なる原核生物集団の増殖を促進し、ひいては海洋生態系における高次栄養段階の消費者にも影響を及ぼす可能性が示唆された。また先行研究とは異なる時期の大阪湾海水試料を用いて同様の実験およびアンブリコン解析を行い、*Alteromonadaceae*、*Rhodobacteraceae*、*Flavobacteraceae* の ASVs において感染細胞への応答差が示された。

新規藻類多糖類分解性 *Polaribacter* sp. OB-PA-B3 株の分離培養ならびにゲノム解読を行い、既報ゲノムとの最も高い平均ヌクレオチド相同性でも *Polaribacter* 属 BM10 株との 91.9% と低い値を示し、少なくとも新種であることを示唆する。3.2Mbp のドラフトゲノム(グアニン-シトシン[GC] 29.8%)は、ラミナリン利用酵素を含む炭水化物活性酵素(CAZyme)をコードしており、ラミナリンを含有する藻類との相互作用を強く示唆した。

上記以外にも、褐虫藻の比較ゲノム解析に基づく共生生活への適応進化の解明や、様々な藻類のゲノム解析、動態解明、バクテリアとの相互作用研究を行い、下記に示す研究発表を行った。