

海洋メタゲノムから得られたウイルスゲノムの多様性に関する研究
Research of diversity of viral genomes obtained from marine metagenomes

京都大学 農学研究科 応用生物科学専攻 海洋分子微生物学分野 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から、1,352 個の非冗長な完全長ウイルスゲノムを構築した。これらのゲノム及び、これまでに分離されたウイルスのゲノムに関して網羅的に比較解析を行った結果、得られたゲノムのうちほとんどが新規のものであり、これまでに報告された未分離ウイルスの完全長ゲノムと合わせて、新規 600 属を構成すると推定された。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、分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ゲノム配列が大量に得られたと考えられる。また、今回得られたウイルスゲノムを用いて、それらのウイルスが感染する宿主を予測した結果、海洋に多く存在するが未分離である、ユーリ古細菌やガンマプロテオバクテリア綱 SAR86 クレードのウイルスがそれぞれ 58 個と 1 個含まれていると予測され、これらの微生物に感染するウイルスのゲノムが初めて明らかになった。

ウイルスゲノムには一般的に、自身を複製するための構造タンパク質や核酸合成酵素をコードする遺伝子がよく見られる。また、多くのシアノファージゲノムには光合成関連酵素がコードされていることが知られている。本研究で得られたウイルスゲノムの遺伝子の機能解析結果から、様々な生化学反応の補因子である鉄硫黄クラスターの合成酵素に加え、それを利用する複数の酵素をコードするゲノムが見つかるなど、機能的に関連する遺伝子が同一ゲノムに集中的に存在する例が複数発見された。これらのウイルスゲノムは、特定の海洋ウイルスが宿主の持つ様々な代謝過程に積極的に関与するという生存戦略を持つことを示唆している。

また、上記海洋ウイルス研究のために開発した ViPTree ウェブサーバーを一般公開した(<http://www.genome.jp/viptree>)。これは、ゲノム類似性を用いたウイルス分類や、関連するウイルスとの配列類似性についての可視化などを通じて、ウイルス研究者が新たに解読したウイルスゲノムの理解を促進するための解析ツールである。

発表論文(謝辞あり)

Nishimura Y, Watai H, Honda T, Mihara T, Omae K, Roux S, Blanc-Mathieu R, Yamamoto K, Hingamp P, Sako Y, Sullivan MB, Goto S, Ogata H, Yoshida T. Environmental viral genomes shed new light on virus-host interactions in the ocean. *mSphere*. (accepted)