

P-243

genomic-OTUを用いたメタゲノム解析による海洋ウイルスの季節変動

○綿井 博康¹, 西村 陽介¹, 山本 圭吾³, 五斗 進², 緒方 博之², 左子 芳彦¹, 吉田 天士¹

¹京都大・院農, ²京都大・化研, ³大阪環農水研

E-mail: hrhsys@gmail.com

【目的】 多様な海洋微生物は、個々が生態系で異なる役割を担う。海洋微生物の大多数は未分離であるが、16 rRNAに基づく分子系統解析によりその多様性や動態に関する知見は集積されつつある。微生物ウイルスは、微生物を数で遥かに凌駕するが、ウイルスは共通遺伝子 (e.g. 16 rRNA) を欠くことから、その生態的な理解は進んでいない。近年の研究から我々は、海洋ウイルスメタゲノム (ビローム) から多数の完全長ゲノムを構築した。これらをゲノム類似度に基づく genomic-OTU (gOTU, 属相当) と呼ぶ系統群に分類し、ウイルスの推定属数を既知の2倍以上に拡充した。本研究は gOTU を用いて季節的なビロームの動態解析を行い、ウイルス系統の生態的知見を得ることを目的とした。

【方法】 大阪湾と紀伊水道の海水試料を 0.2 μ m で分画後、鉄共沈法と密度勾配遠心法でウイルスを精製し、MiSeq を用いて 8 つのビローム (2014 年 8 月~2016 年 3 月) 配列を得た。配列のアセンブリで得た 10 Kbp 以上のコンティグ (ゲノム断片) を、我々がこれまでに明らかにした 1087 gOTU に分類した。ビローム配列のマッピングからウイルス頻度 (FPKM) を算出し、gOTU ごとの定量的な動態解析を行った。

【結果と考察】 8 つのビローム配列から得た 3509 コンティグの 80% が gOTU (計 480) に分類された。このことは rRNA の代替としてゲノム単位で海洋ウイルス群集の特徴付けが可能であることを示す。一方で、残りの 20% のコンティグは、既存の gOTU に分類されない新規なウイルス系統であった。また夏季に採取した 5 つのビロームの群集組成は、他の季節の群集組成に比べ互いに類似していることから、その季節的変動が示唆された。次に gOTU ごとの出現パターンを調べたところ、57 gOTU はそれぞれ特定の 1 つのビロームで高頻度 (≥ 10 FPKM) であった。一方、10 gOTU は季節の異なる 6 つ以上のビロームで高頻度に出現した。ウイルスが宿主特異的 (時として株レベル) に代謝系を利用して増殖することを考慮すると、こうした gOTU の長期的な出現パターンの相違は、宿主の個体群レベルでの消長や代謝の差異に起因すると推察される。今後、本手法を用いた動態解析により、各季節の微生物にウイルスが及ぼす影響を把握することは、微生物が支える海洋生態系が温暖化に伴う水温上昇で、どう変遷するかの予測をもたらすため、非常に重要だと考えている。本研究はキャノン財団「理想の追求」の助成を受けた。