

環境とバイオテクノロジー
2020 年度採択研究者

2020 年度 年次報告書

西川 洋平

産業技術総合研究所
産総研・早大 生体システムビッグデータ解析オープンイノベーションラボラトリ(CBBD-OIL)
博士研究員

シングルゲノム情報を用いた水圏ファージ-宿主間の相互作用解析

§ 1. 研究成果の概要

初年度は、(1)微小液滴を用いたウイルス 1 粒子からのゲノム増幅手法の開発と、(2)河川水中より取得された細菌シングルセルゲノム(Single amplified genome: SAG)からのウイルス様配列の検出を行った。

(1)では当初の計画通り、Lambda ファージをモデルとして用いた検証を行い、液滴の構成成分やファージ粒子の溶解手法を最適化することによって、1 粒子 Lambda ファージからの液滴内全ゲノム増幅が可能であることを確認した。計 37 個の液滴について配列解析を行った結果、個々の液滴から高精度なファージゲノム情報が取得され、1 サンプルからは Lambda ファージの完全長ゲノムが獲得された。さらに、当初の計画を前倒し、環境サンプル(川水)を用いたファージゲノム取得を開始した。初回の検討では、属レベルでの系統が同定された 87 個のファージ配列が検出され、そのうち 83 個(95%)の配列が既存のデータベースにない(新規の)配列であった。

(2)では、SAG 配列からウイルス様配列の検出を行い、ファージの系統解析およびファージが感染する宿主細菌の系統解析を行った。河川水中より獲得された 3,740 個の SAG から 1,846 個のウイルス様配列が検出され、その内 85%の配列について、属レベルでの宿主系統の同定が可能であった(門レベルでは全ての配列について宿主系統を同定)。また、異なる SAG から検出されたウイルス様配列の相同性を比較することによって、異なる系統(Phylum レベル)の細菌に感染能を有すると考えられるファージの候補配列を 68 組検出した。

今後は、川水サンプルから大規模にファージゲノムの取得を行うことでデータベースの拡充を図るとともに、異なる細菌系統に感染するファージの遺伝子配列を調べることにより、ファージの宿主域を決定する要因について解析を進める予定である。