

環境とバイオテクノロジー
2020 年度採択研究者

2021 年度 年次報告書

西川 洋平

早稲田大学 ナノ・ライフ創新研究機構
次席研究員

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

第二年度は当初の研究計画に従い、(1)細菌由来のシングルセルゲノムからのウイルス配列の検出と、(2)ウイルス1粒子を対象としたゲノム解析の大規模化を進めた。

(1)では、海水、海泥、土壌等の多様な環境から取得した合計 734 個の細菌由来のシングルセルゲノム情報(Single amplified genome: SAG)から、合計 303 個のウイルス配列を獲得した。個々の配列が検出された SAG の系統や採取地点を紐付けた解析により、複数の細菌系統や異なる環境において共通して検出されるウイルス配列が明らかとなり、宿主系統や環境を超えて幅広く分布するウイルスの存在が示唆された。また、同一種に由来する複数個の SAG から検出されたウイルス配列を比較することによって、宿主ゲノム上のウイルス配列は細胞ごとに異なっており、ウイルスの感染を介して細菌ゲノムが 1 細胞レベルで多様化する可能性が示唆された。以上の成果については、現在論文投稿中である。

(2)では、昨年度に実施した河川水中のウイルスを対象とした1粒子ゲノム解析を大規模スケールで実施し、合計 1431 個のウイルス配列を獲得した。ウイルス配列の取得効率は 93%以上の値を示し、従来法に比べて高効率にウイルス配列の獲得が可能であることが明らかとなった。また、得られた配列の大部分が未知の配列であったことから、本研究で開発した手法によって、新規ウイルスゲノムの大規模な取得が可能であることが実証された。さらに、同一系統として分類されたウイルス配列間で比較ゲノム解析を行うことにより、ウイルスが保有する遺伝子の種類・パターンが、1 粒子レベルで多様化していることが明らかになった。

今後は、ウイルスが保有する遺伝子の詳細な解析によって水圏環境におけるウイルスの役割を明らかにするとともに、開発した手法を水圏以外の環境に適用することにより、多様な環境からのウイルス配列の大規模取得を試みる。

【代表的な原著論文情報】

1) “Extensive single-cell genomics reveals bacterial diversity and diverse phage host ranges in the area in and around the Red Sea”, bioRxiv, doi: 10.1101/2020.03.05.962001, 2022