

海洋ウイルスと地球環境

緒方 博之
京都大学 化学研究所

公開シンポジウム「生物多様性からみたワイルドサイエンス」2022年2月26日（オンライン）

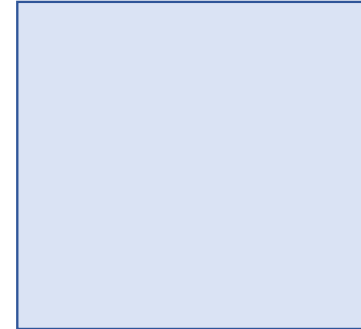
アウトライン

- ウイルスは生物多様性を維持する素粒子である
- ウイルスなくして生物は存在しない

ウイルスは生命系・生態系に組み込まれた、切っても切り離せない、生き生きとした『部分』である。

海洋サンプリングとメタゲノム解析

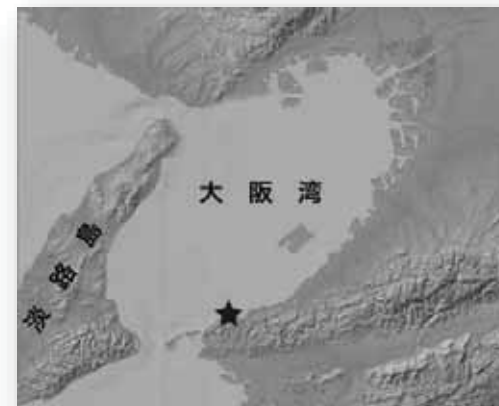
Tara Oceans国際海洋探査2009-2013



吉田天士（京大）



長崎慶三（高知大）



大阪湾2014
大阪府立環境農林水産総合研究所
水産技術センター



高知県浦ノ内湾
2017-18

プランクトンと地球環境

海洋：地表の70%
平均深度：3,700 m

地球バイオマス－5500億トン（炭素換算）

海洋バイオマス－60億トン（11%）

酸素（一次生産）－50%

単細胞藻類－速い分裂速度

プランクトン－海洋環境のバイオマスの>90%

二酸化炭素－「生物炭素ポンプ」で吸収

未知の多様性－1Lの海水に10億の生命

海洋生態系の基盤
地球環境・人間社会



地球

海洋ウイルス

微生物の数の
10倍

微生物の代謝
改変

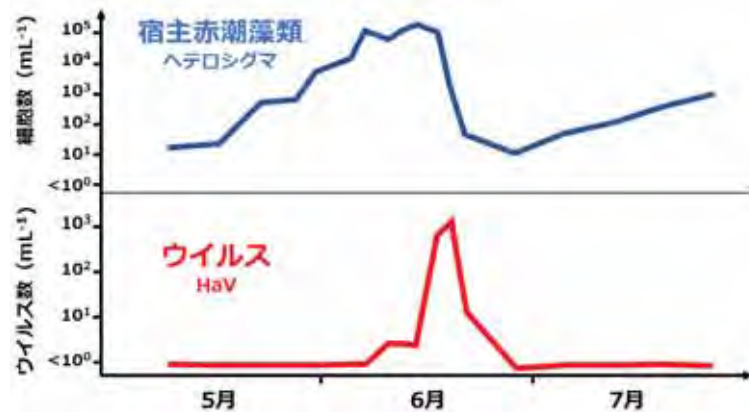
微生物を日々
1/3殺傷

遺伝子水平伝播
日々 10^{29} 個



微生物群集動態
物質循環
生物進化

ウイルス＝赤潮終息因子



データ：Tomaru et al. 2004より改変

生物多様性

特定生物が優占する（勝者）

勝者に感染するウイルスが増殖

勝者が減少する

減少

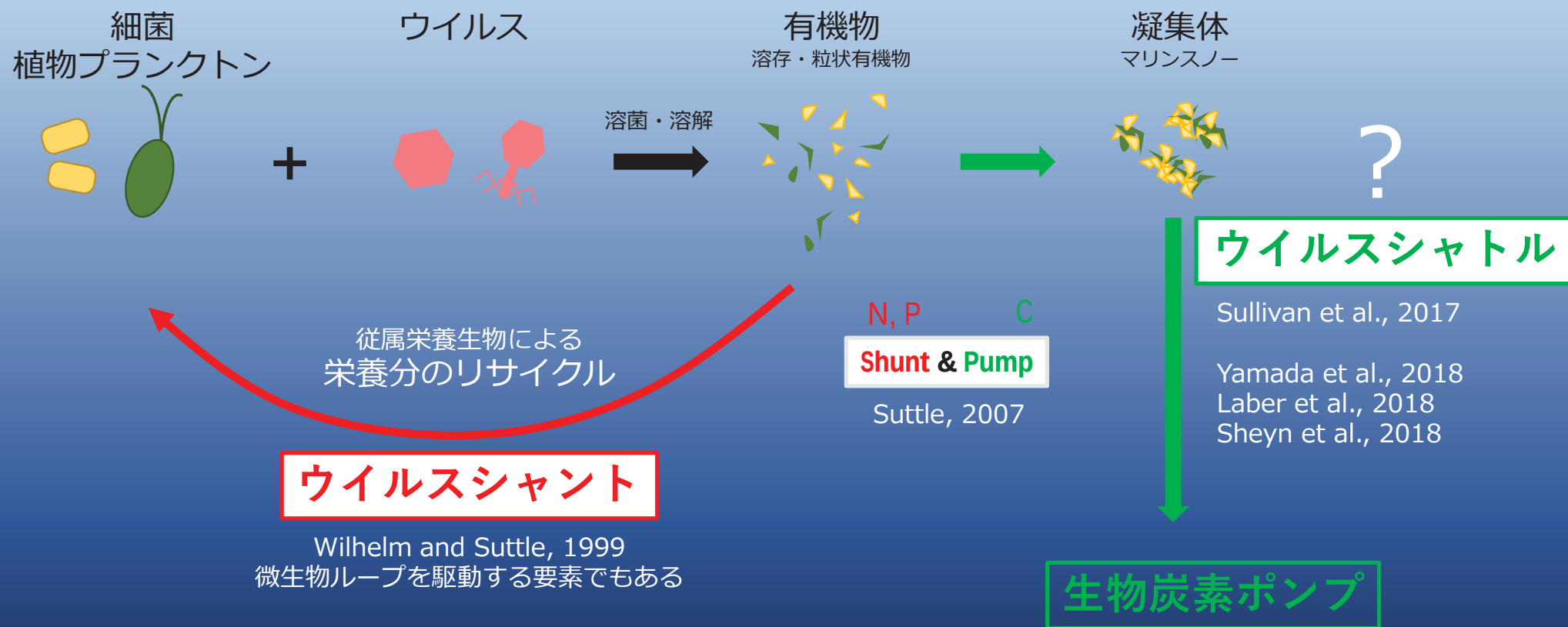


回復

ウイルスは生物多様性を維持する素粒子である

Kill-The-Winner 仮説 (Thingstad, 2000)

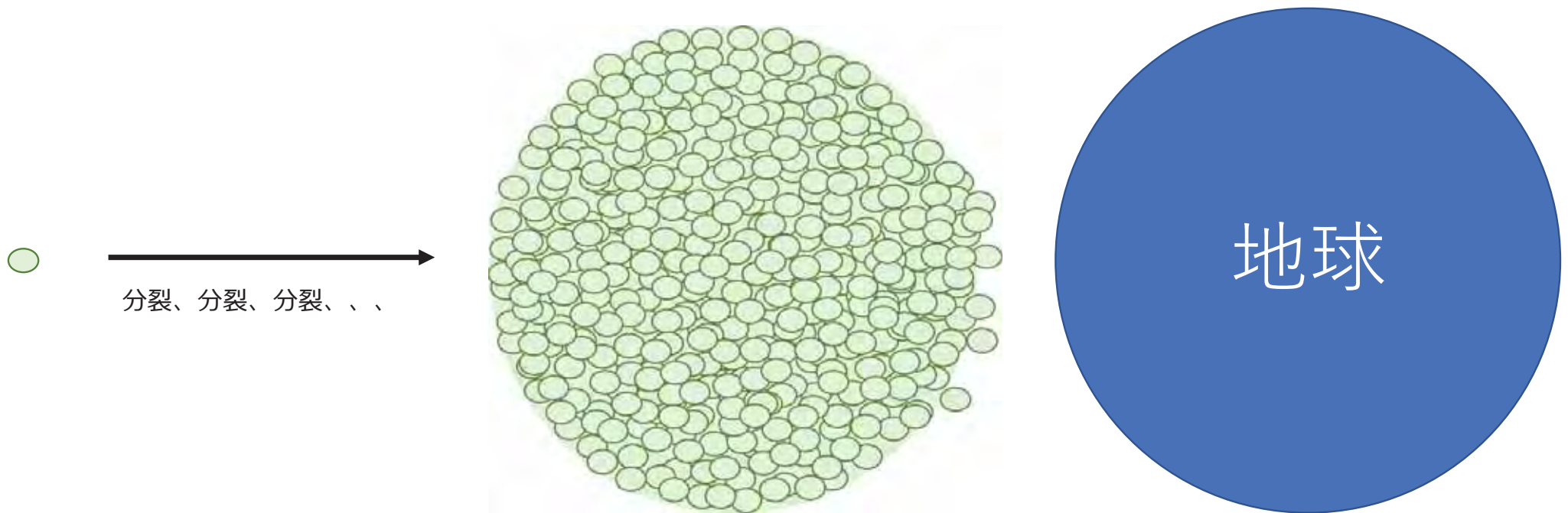
物質循環における役割



※「生物炭素ポンプ：海洋炭素循環の大動脈」：年間約110億トンの炭素が生物の沈降に伴い表層から鉛直輸送される

光合成細菌－シアノバクテリア

もし仮に一匹のシアノバクテリアが「際限なく」分裂（1日1回）したら



130日で地球の体積分のシアノバクテリア
(大腸菌なら2日)

シアノバクテリアの数の安定性

光合成細菌であるシアノバクテリアの数は日周期にそれ程影響されず安定

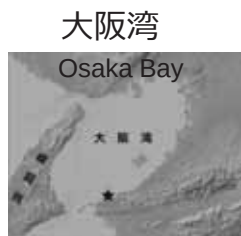
午後の高い増殖率と深夜の高い致死率が相殺

シアノバクテリアの致死要因

動物プランクトン
ウイルス

Ribalet, Swalwell, Clayton, Jiménez, Sudek, Lin, Johnson, Worden, Armbrust, PNAS, 2015

シアノファージの日周サイクル



24時間サンプリング



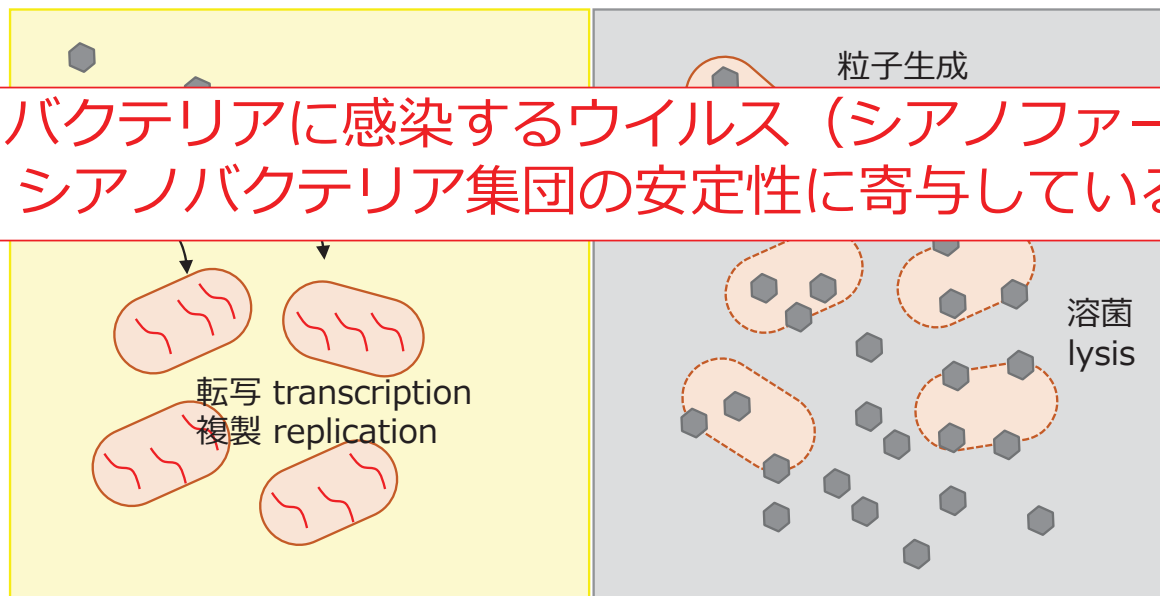
メタトランスクリプトーム：ウイルス遺伝子発現

メタゲノム：ウイルスゲノム

午後に高い転写活性

夜から夜明けに粒子の増加

シアノバクテリアに感染するウイルス（シアノファージ）が、
シアノバクテリア集団の安定性に寄与している

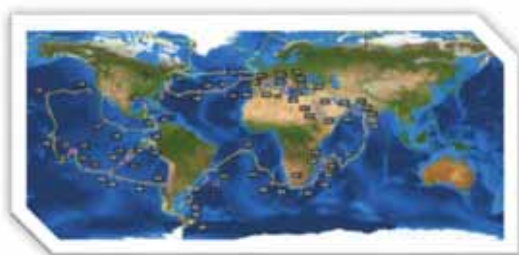


仮説

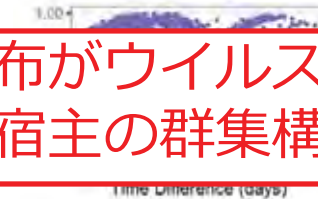
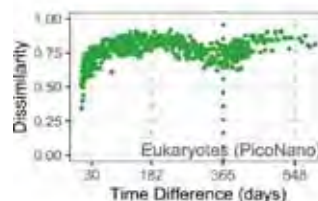
溶菌により放出された栄養分が従属
栄養微生物の遷移を引き起こし、微
生物生態系の「時計仕掛け」が駆動
(科研費基盤S)

真核生物群集とウイルスの共変動 (マンテル検定)

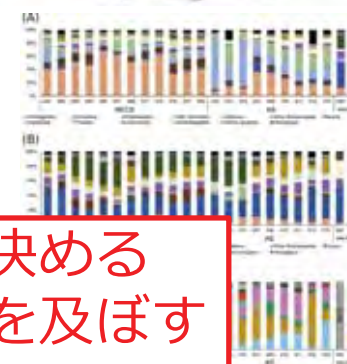
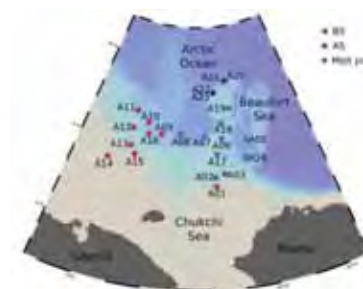
大域
(NCLDV)



時系列 (1.5年)
(Imitevirales)



極地・局域・同時期
(Imitevirales)



宿主の分布がウイルス種組成を決める
ウイルスが宿主の群集構造に影響を及ぼす

相関係数 $Rho > 0.53$ ($P < 0.01$)

Endo et al. Nat Eco Evo, 2020

相関係数 $R > 0.78$ ($P < 0.0001$)

Prodinger et al. FEMS ME, 2021

相関係数 $R > 0.65$ ($P < 0.01$)

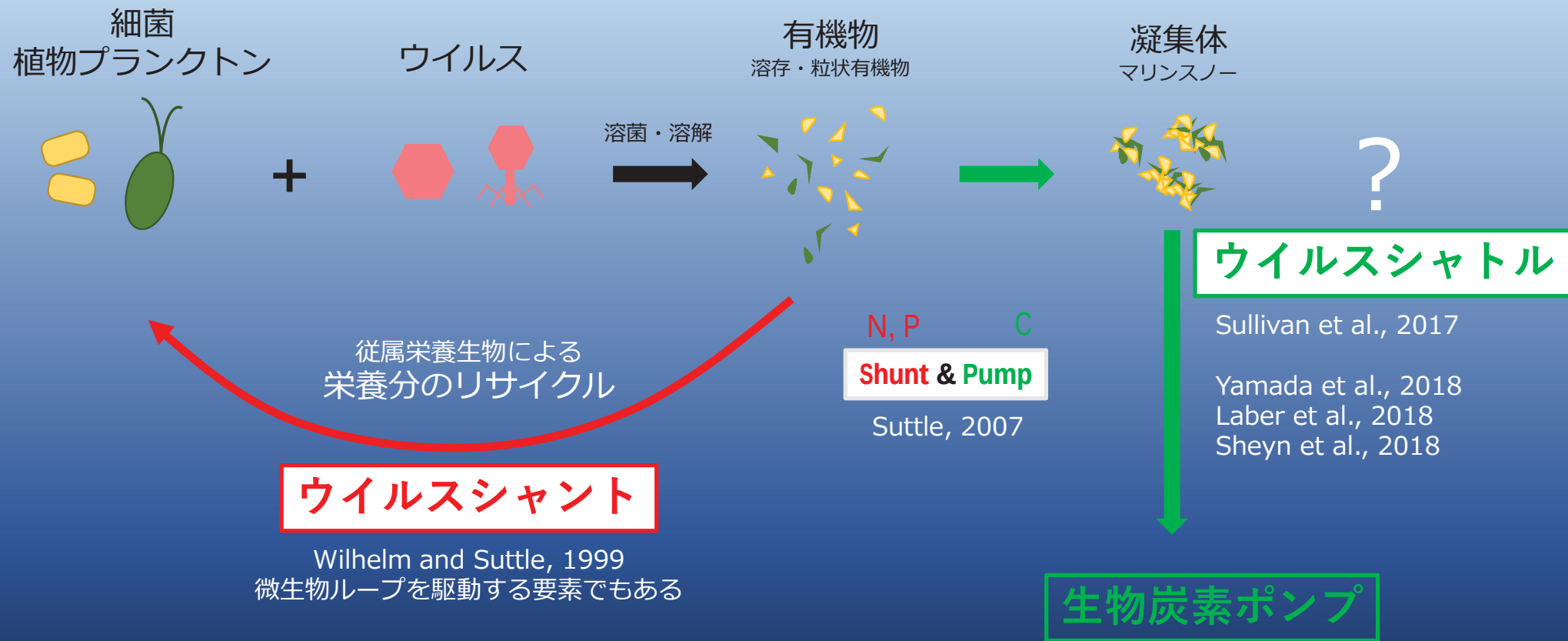
Xia et al. bioRxiv, 2021

遠藤寿 助教

フロリアン
プロディンガ
博士課程

夏駿
博士課程

ウイルスシャトルの検証

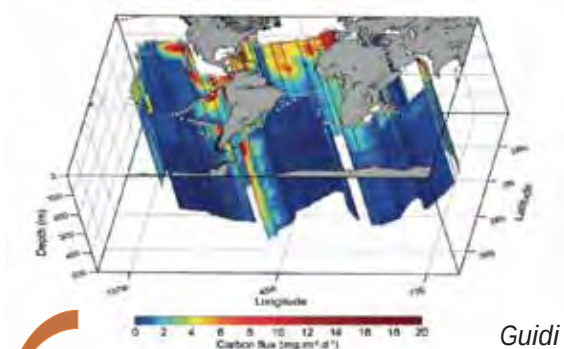


※「生物炭素ポンプ：海洋炭素循環の大動脈」：年間約110億トンの炭素が生物の沈降に伴い表層から鉛直輸送される

炭素輸送効率の予測法

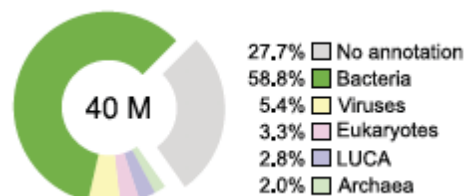
博士課程
金子博人

炭素輸送効率データ



Guidi et al. 2016

メタゲノム

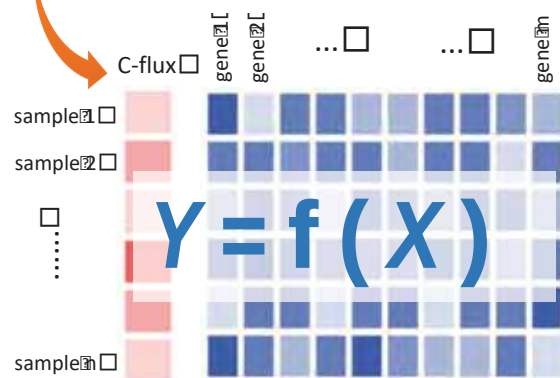


巨大ウイルス, ssDNAウイルス

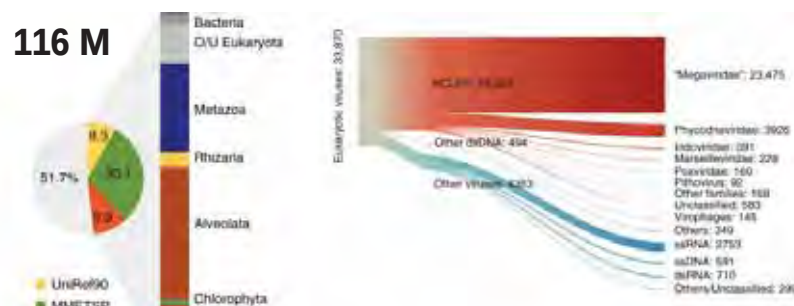
PolB, Rep

Sunagawa et al. 2015

偏最小二乗回帰



メタトランスクリプトーム



RNAウイルス

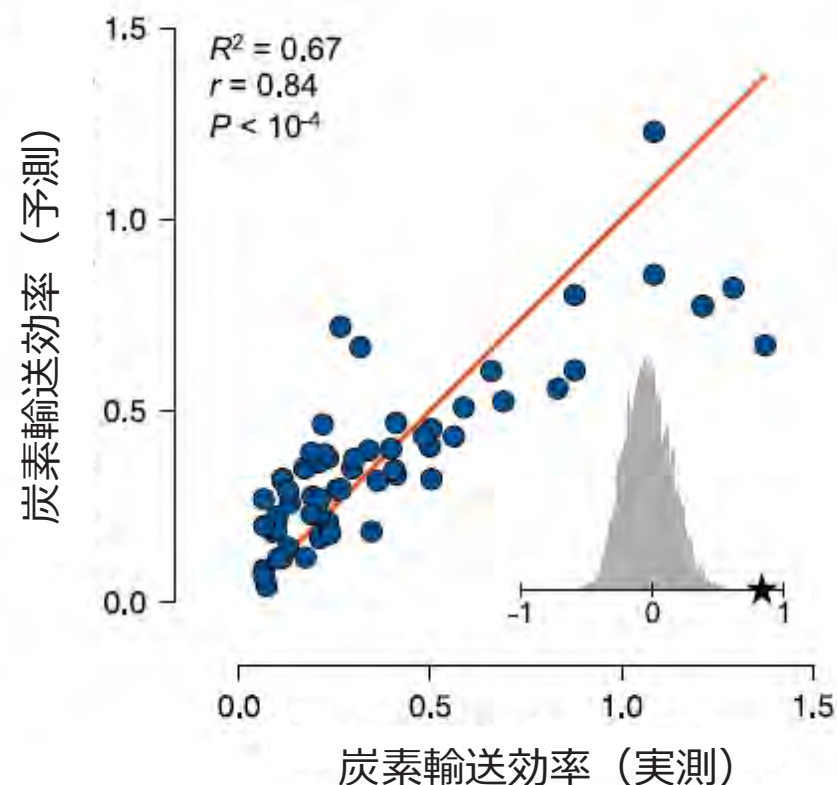
RNA-dependent RNA polymerase (RdRP)

Carradec et al, 2018

Kaneko, Blanc-Mathieu
et al., iScience, 2021

炭素輸送効率の予測結果

博士課程
金子博人

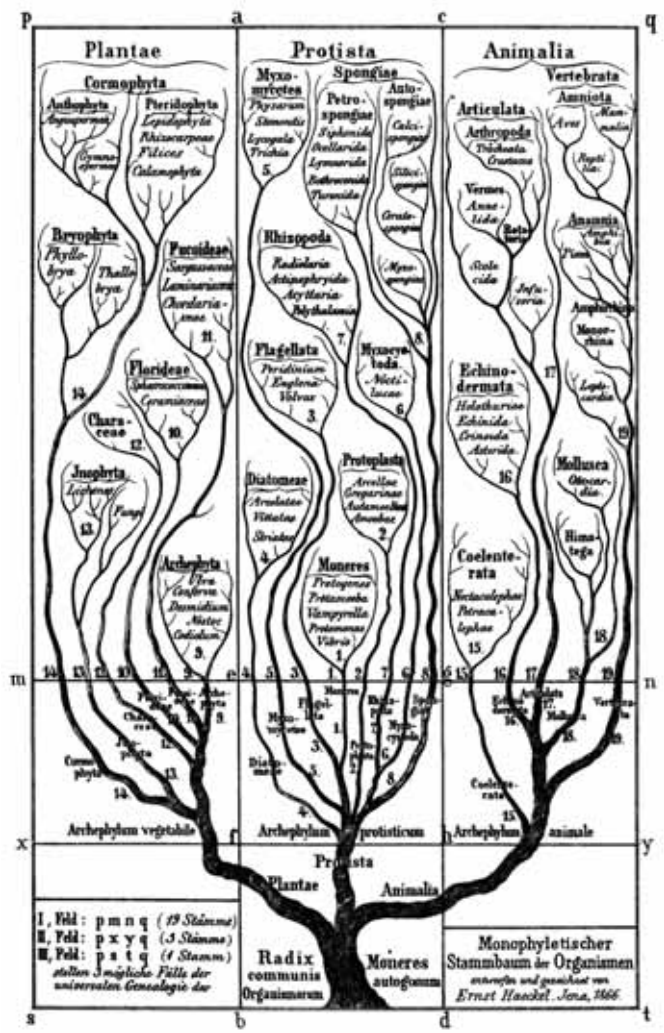


- ◆真核ウイルスの種組成により生物炭素ポンプ効率を予測できることを明らかにした
- ◆数十種のウイルスが予測に強く寄与していた
- ◆そうしたウイルスは生態学的にも重要な宿主に感染している

ウイルスが生物炭素ポンプに影響を及ぼしている可能性を支持

Kaneko, Blanc-Mathieu et al., iScience, 2021

ウイルスはどこ？

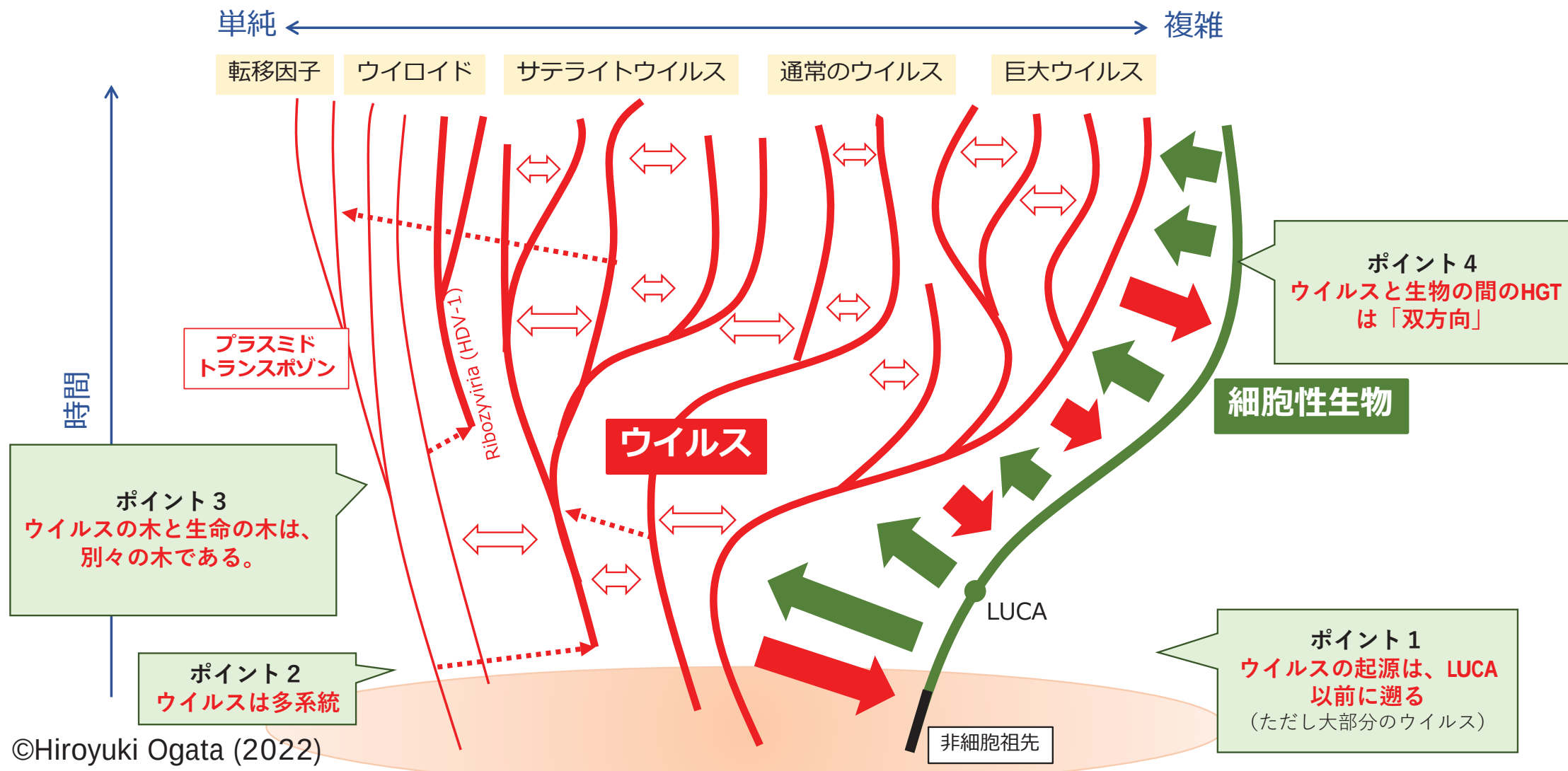


ウイルスの理解なしに、生物の世界の理解はあり得ない

ヘッケルの系統樹（1866）

ウイルスの発見（1892）

ウイルスの系統樹



パラサイトは自然発生する

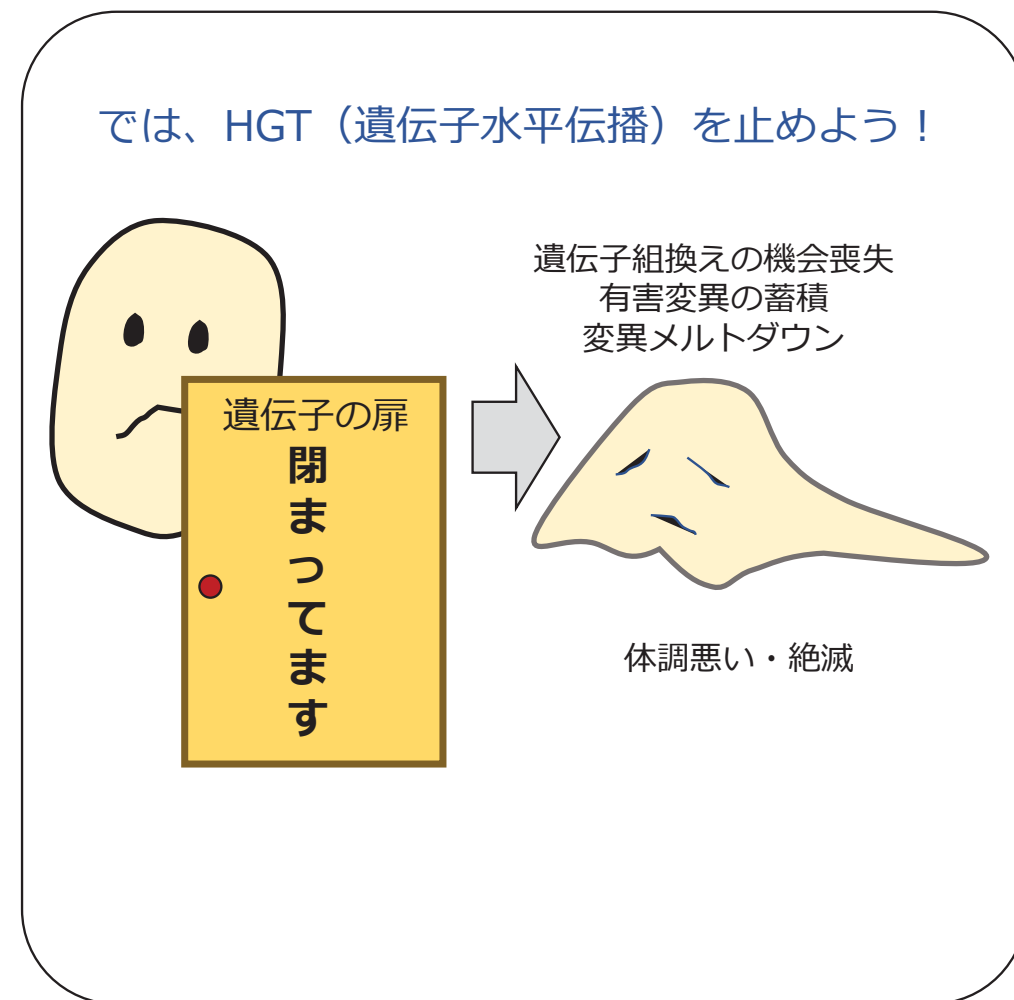
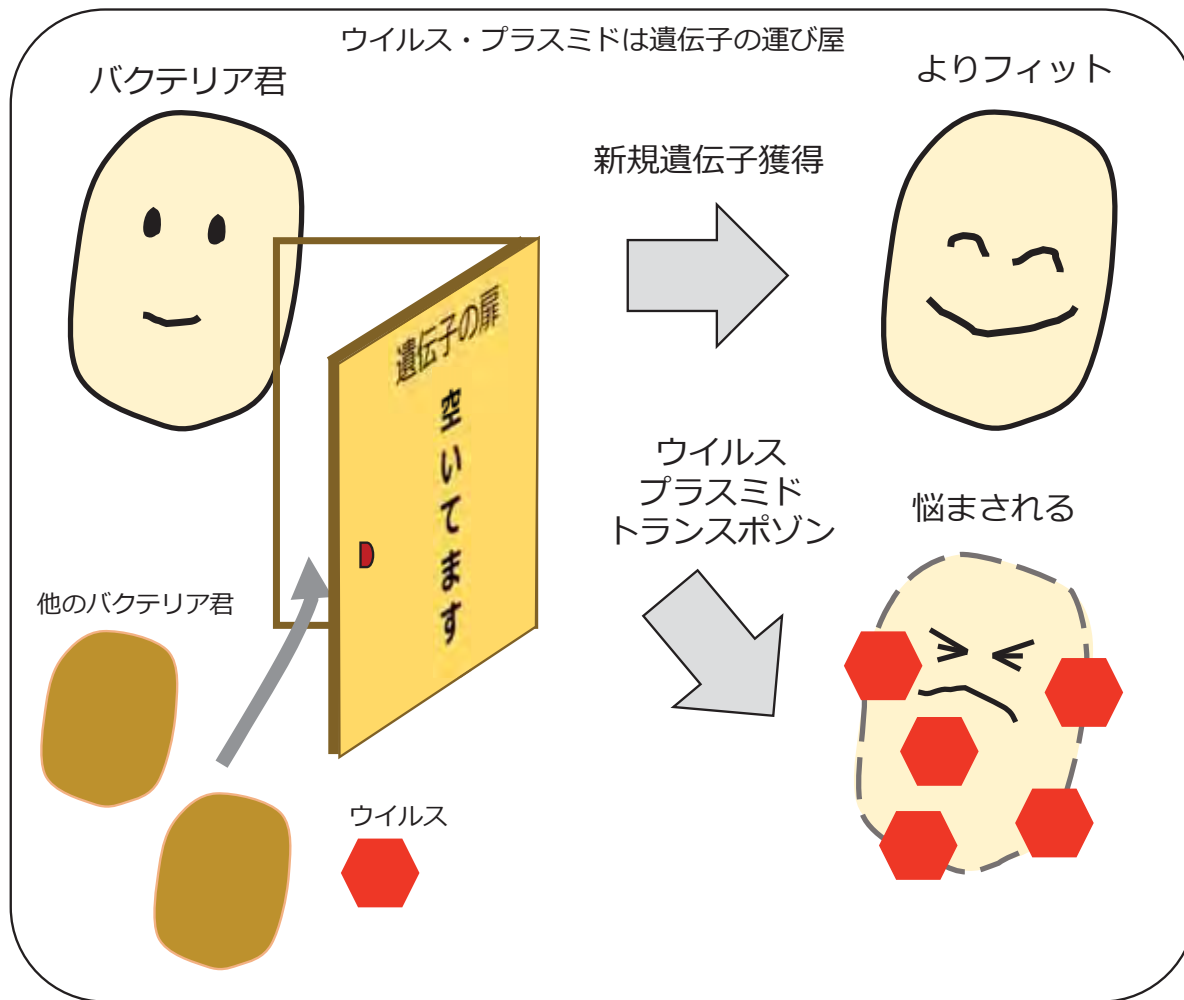
人工合成自己複製子の実験

リプリカーゼ遺伝子を失ったパラサイトが出現し宿主と共存



Ichihashi, Usui, Kazuta, Sunami, Matsuura, Yomo, 2013

原核生物はウイルスから逃れられない



世界はウイルスで満ちている

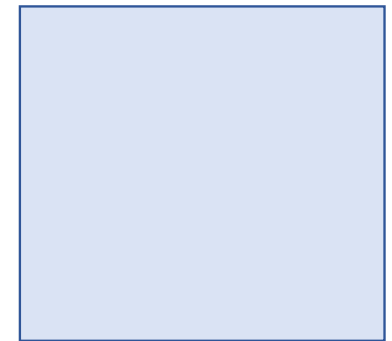
- ウイルスー宿主データベース <https://www.genome.jp/virushostdb/>
 - ヒトに感染するウイルス：1,417株
 - 哺乳類に感染するウイルス：3,230株
- 地球上のウイルス粒子の数： 10^{31} 個（1000穰個；穰= 10^{28} ）
- ヒトゲノムの1.5%が遺伝子、9%はレトロウイルス（レトロエレメントも含めると $\sim 50\%$ ）

宿主による利用

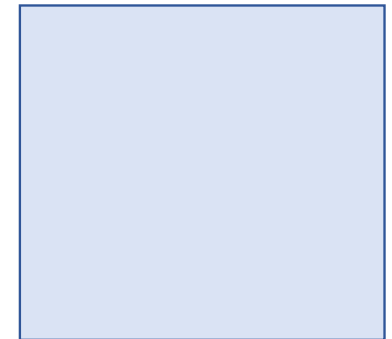
- 哺乳類の胎盤形成 Mi et al. 2000, Dunlap et al. 2006
- 四肢動物・昆虫でシナプスの可塑性（記憶強化・長期記憶）の制御に関わるArcと呼ばれる遺伝子は、レトロウイルス由来 Erlandsson et al. 2020
- 寄生バチは宿主鱗翅目幼虫の免疫から卵を守る Espagne et al. 2004
- 渦鞭毛藻はゲノム凝縮にヒストンではなくウイルス由来タンパクを利用 Irwin et al. 2018, Gornik et al. 2012
- 海洋鞭毛虫はヴァイロファージ利用して集団免疫を得る Fischer & Hackl, 2016
- ミトコンドリアのRNA/DNAポリメラーゼはファージ由来 Filee & Forterre 2005

記憶に関わる神経タンパク質Arcはレトロトランスポゾン由来

ショウジョウバエのArcカプシド



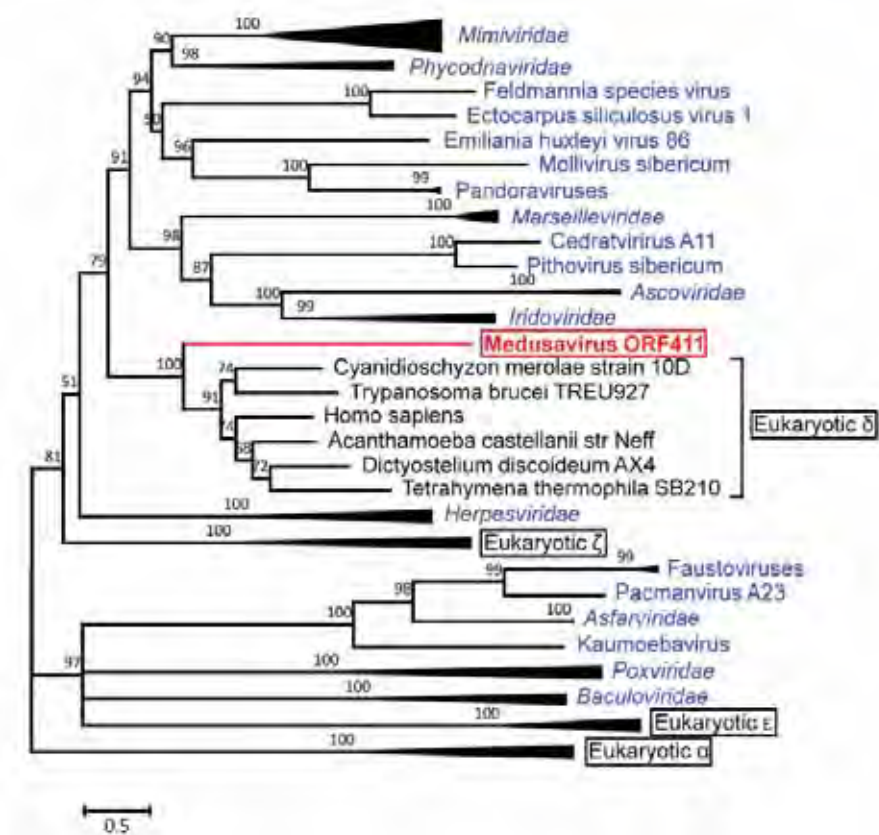
レトロトランスポゾンTy3/gypsyのカプシド（レトロウイルスのカプシドに類似）



Budnik & Thomson, Nat. Neurosci., 2020
Erlandsson, Nat. Neurosci., 2020
Dodonova et al., PNAS, 2019

真核生物の主要な遺伝子もウイルス由来

DNAポリメラーゼファミリーδ



Villarreal, JVI, 2000
Takemura et al., JME, 2015
Yoshikawa et al. JVI, 2019

アクチン

Da Cunha et al. MBE, 2022

ヒストン

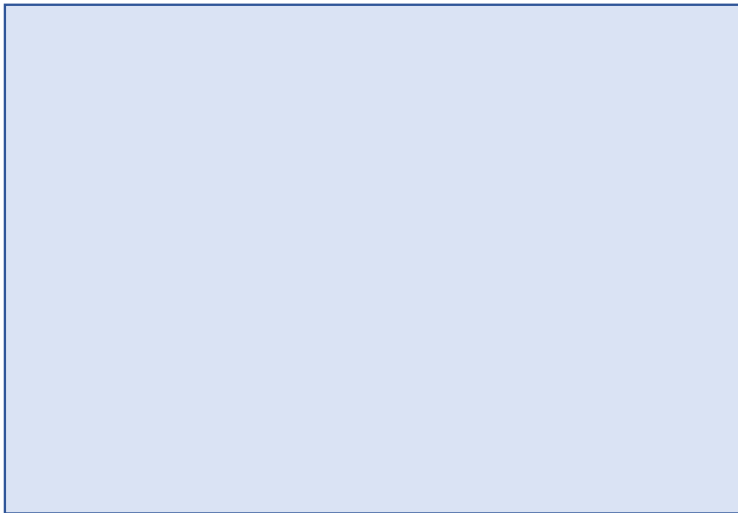
Thomas et al., Environ Microbiol, 2011
Erives, Epigenetics & Chromatin, 2017
Yoshikawa et al. JVI, 2019

RNAポリメラーゼII

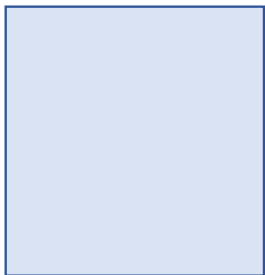
Guglielmini et al., 2019

真核生物の初期進化（核）との関係

巨大ウイルスのウイルス工場



ファージのウイルス工場



Mendoza et al. 2020

核のウイルス起源説

JME 2001

Poxviruses and the Origin of the Eukaryotic Nucleus

Masaharu Takemura

Laboratory of Cancer Cell Biology, Research Institute for Disease Mechanism and Control, Nagoya University School of Medicine
Tsurumai-cho 65, Showa-ku, Nagoya 466-8550 Japan

Received: 26 October 2000 / Accepted: 16 January 2001

JME 2001

Letter to the Editor

Viral Eukaryogenesis: Was the Ancestor of the Nucleus a Complex DNA Virus?

Philip John Livingstone Bell

Department of Biological Sciences, Macquarie University, Sydney, New South Wales 2109, Australia

Received: 26 February 2001 / Accepted: 21 March 2001

Take home message

- 海洋ウイルスは生態系の安定に寄与している
- 海洋ウイルスは生物炭素ポンプに影響を及ぼしている可能性がある
- ウイルスと生物（細胞性生物）は系譜が異なる
- ウイルスは生物進化に寄与してきた

ウイルスは生命系・生態系に組み込まれた、切っても切り離せない、生き生きとした『部分』である。

ウイルスの理解なしに、生物の世界の理解はあり得ない

謝 辞

- 研究室（新・旧）メンバー
 - 吉川元貴
 - Romain Blanc-Mathieu
 - 遠藤 寿
 - Florian Prodingier
 - Jun Xia
 - 金子博人
 - 西村陽介
- 京都大学農学研究科
 - 吉田天士
- 高知大学
 - 長崎慶三
- CNRS
 - Tom Delmont
- Inst Pasteur
 - Patrick Forterre
- CEA/Genoscope
 - Morgan Gaia
- 大阪府立環境農林水産総合
研究所水産技術センター
 - 山本圭吾
- 高知県水産試験場
 - 谷口越則



文部科学省科学研究費助成事業「新学術領域研究『学術研究支援基盤形成』」
先進ゲノム解析研究推進プラットフォーム
先進ゲノム支援

