

## 研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 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

2. 個人研究者名

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 研究員）

3. 事後評価結果

本 ACT-X 研究では、バクテリオファージの 1 粒子ゲノム解析技術を確立し、河川水の 1500 程度のファージ（未知のウイルスを多数含む）のゲノムを決定することに成功している。また、本技術を適用し、5000 個以上の海水ファージのゲノム配列の獲得にも至っており、それらの成果を国際誌に発表している。これらの成果は、環境科学、ウイルス学、生態学などの観点から高い価値を有しており、高く評価できる。また、メチルトランスフェラーゼに関する研究成果は非常に興味深く、ドロップレットを用いたシングルウイルス解析だからこそ得られた新たな知見として注目される。

今後、同様の視点で水平展開できれば、環境ウイルス領域を代表する研究へと発展することも期待できる。なお、今回の研究を通じて、恒久ポストの獲得に至った点は高く評価できる。今後、独立した立場での研究が増えてくると思われるが、より大きな研究プロジェクト立案に向けて、ACT-X 研究者を含む外部研究者との連携を積極的に進めてもらいたい。

(加速フェーズ)

上記の評価を受けて研究実施期間を 1 年間延長し、加速フェーズ研究を実施した。加速フェーズで取り組みはじめた土壌由来の試料からのウイルス解析も、順調に推移していると評価できる。植物根圏内の微生物-ウイルスの相関なども見えてきており、「相互作用をシングルウイルス解析から見る」という新たな手法が確立される可能性が出てきている。今後、河川由来のものも含め、同時期の細菌のデータセットと詳細な比較解析を進めてもらいたい。ホストの推定など、より詳細で興味深い情報が得られると期待できる。時系列の中でのウイルスの変遷は何によりもたらされるのかなど、微生物生態学の観点でも興味深い知見を提供する可能性もあり、今後の展開に期待したい。また、解析を通して多数のウイルスのゲノムを決定することに成功している。さらに宿主菌との適応戦略の一端も解き明かしている。ポイントはハイスループット技術を確立したところであり、自らの得意な技術を十分に活用した成果と言え、高く評価したい。