

巨大ウイルスゲノムの解析
Genome analysis of giant viruses

京都大学化学研究所バイオインフォマティクスセンター化学生命科学研究領域 吉川 元貴

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用して、アカントアメーバに感染する新規巨大ウイルス、メドゥーサウイルスのゲノム解析を行った。

メドゥーサウイルスは約 38 万塩基対の直鎖状二本鎖 DNA ゲノムを有していることが明らかになった。ゲノム中に 443 個のタンパク質遺伝子をコードすることが予測され、その 61%がデータベースに類似した遺伝子がない新規遺伝子であることが判明した。また、数個の遺伝子にはイントロン様配列が含まれていることが明らかになった。メドゥーサウイルスは核細胞質性大型 DNA ウイルス(Nucleocytoplasmic Large DNA Virus: NCLDV)に共通して保存されている遺伝子群(コア遺伝子)のうち 15 個を保持することから、NCLDV と共通祖先を持つと推定された。一方で、分子系統解析の結果、既知のウイルスグループと進化的に極めて遠い関係であることが明らかとなり、新規の科を形成することが示唆された。メドゥーサウイルスが保有する遺伝子に関する興味深い特徴として、真核生物ヒストン遺伝子と相同性の高い遺伝子を全セット(H1、H2A、H2B、H3、H4)持つことが判明した。真核生物と同様に 5 種類全てのヒストン遺伝子を持つことが明らかとなったウイルスはメドゥーサウイルスが初めてである。分子系統解析の結果、これらのヒストン遺伝子はその進化の枝が、真核生物の系統樹の根(root)の部分から派生しており、その起源が真核生物の共通祖先よりも古いことが明らかになった。さらに、メドゥーサウイルスの DNA ポリメラーゼ遺伝子は真核生物の DNA ポリメラーゼ δ と極めて近縁であり、同様の進化的関係が推測された。これらの結果は、真核生物の先祖がヒストン遺伝子や DNA ポリメラーゼ遺伝子などを古代のウイルスから獲得した可能性を示唆している。また、アカントアメーバとメドゥーサウイルスのゲノム比較により、進化の過程で数多くの遺伝子交換が行われていることが明らかになり、自然宿主がアカントアメーバであることが示唆された。

発表論文(謝辞あり)

- [1] Yoshikawa G., Blanc-Mathieu R., Song C., Kayama Y., Mochizuki T., Murata K., Ogata H., and Takemura M., Medusavirus, a novel large DNA virus discovered from hot spring water, *Journal of virology*, JVI.02130-18 (2019).

発表論文(謝辞なし)

なし。