

巨大ウイルスゲノムのアッセンブリ手法評価
Assessment of genome assembly methods for giant viruses

京都大学化学研究所化学生命科学研究領域 疋田弘之

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、昨年度に引き続き、MinION シークエンサーを用いた巨大ウイルスのゲノムアッセンブリ手法の評価を行なった。巨大ウイルスとは、その名が示す通り、ウイルスとして規格外に大きい二本鎖 DNA ウイルスである。ゲノムサイズは最大 2.5 Mbp、粒子サイズは最大で 1.5 μm に及ぶ。近年、環境メタゲノム解析から、巨大ウイルスの高い多様性、および環境中における遍在が明らかになってきた。一方、メタゲノム解析では検出できないウイルスが培養実験によって単離できることも知られている。すなわち、ウイルスの単離は依然、ウイルスの多様性を知る上で不可欠な手法である。これまでに、自由生活性アメーバを環境サンプルと共培養することで、多様な巨大ウイルスが単離されてきた。しかし、全ゲノムシークエンスにかかる時間と費用の負担から、ゲノムレベルの解析が行われた単離株は一部にすぎない。そこで本研究では、他のシークエンス技術と比べて、安価で迅速なシークエンスが可能な MinION シークエンサーを用いて、巨大ウイルスの単離株の全ゲノム解析を迅速に行うことを目指した。MinION は簡便なシークエンスが可能な一方、その精度が他の手法に劣ることが知られている。そのため、精度の高い他のシークエンス技術と組み合わせて用いられることが多い。本研究ではこの点について、カバレッジを高めることで MinION シークエンスのみから高精度でゲノムをアッセンブルすることを試みた。その結果、遺伝子組成の解析、およびウイルスの分類を行う上で十分なレベルのゲノムが MinION シークエンスのみから得られることがわかった。さらに、環境中から共培養によって得られた新規ウイルス株について、同様の手法で全ゲノム解析を行った。その結果、本研究で用いた手法が新規ウイルス株の同定、およびそのゲノム解析に適用できることが示された。現在、これらの内容について、論文化を進めている。