

バイオインフォマティクスを用いた巨大ウイルス感染戦略の研究
Study on infection strategy of giant viruses using bioinformatics

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、主に、MinION シークエンサーを用いて巨大ウイルスのゲノムをアセンブリ手法の有用性について検討した。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。近年の環境メタゲノム解析から、巨大ウイルスが環境中に普遍的に存在し、高い多様性を持つこと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系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、およびそのゲノム解析は、メタゲノム解析が大きく発展を遂げた今もなお、ウイルスの多様性を知る上で不可欠である。これまでに、自由生活性アメーバを環境試料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、全ゲノムシーケ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、他のシーケンス技術と比べて、安価で迅速なシーケンスが可能な 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手法の確立を目指した。MinION は簡便なシーケンスが可能な一方、その精度が他の手法に劣ることが知られており、精度の高い他のシーケ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、5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、これら5株には同種のミミウイルスが2株、マルセイユウイルス2種、ピソウイルス1種が含まれることが明らかになった。また、既知のウイルスとのゲノム比較により、これら4種のウイルスはいずれも新規の種であることが示唆された。今回単離されたウイルスにはこれまでメタゲノムデータにしか見つかっていなかった遺伝子が見つかった他、可動性ゲノム因子の有無において近縁種との相違が見られた。これらの結果は単離株の全ゲノム解析がウイルスの多様性の理解に寄与することを示す。

上記の課題に加え、巨大ウイルスの感染戦略を理解するために、ウイルス感染細胞における比較トランスクリプトーム解析を行った。この結果については、現在解析中である。

発表論文(謝辞あり)

Hiroyuki Hikida, Yusuke Okazaki, Ruixuan Zhang, Thi Tuyen Nguyen, Hiroyuki Ogata. **A rapid genome-wide analysis of isolated giant viruses using MinION sequencing.** *Environmental Microbiology*, 2023; 25 (11): 2621–2635.