

ウイルスゲノムの多様性に関する研究
Research on genomic diversity of viruses

東京工業大学 生命理工学院 山田研究室 西村 陽介

研究成果概要

本研究では、昨年度に引き続き新規ウイルスゲノムの多様性を明らかにするためのウェブサーバーである ViPTree の開発を行った[1]。さらに、ViPTree を用いてヒト腸内環境や、大阪湾の海水中に含まれるウイルスの多様性に関する研究を行った[2]。ViPTree は、ゲノム配列の類似性を用いてウイルス分類を行うツールである。配列類似性を数値化・可視化する機能を提供することによって、ユーザーが同定した新規ウイルスゲノムの理解を促進する。

環境中には大量の未分離ウイルス群(ウイルスダークマター)が存在している。本研究では、ヒト糞便サンプルや、海水サンプルに関してメタゲノム解析を行い、大量のウイルスゲノムを同定した。得られたウイルスゲノムに対して ViPTree などの解析パイプラインを用いることによって、ヒト腸内環境や大阪湾の海水中に存在するウイルスの多様性は非常に大きく、未知のウイルスが多く含まれていることが示された。さらに、大阪湾の海洋ウイルスの研究[2]においては、時系列のメタゲノム解析と共に、メタトランスクリプトーム解析・群集構造解析を行った。解析結果から、海洋ウイルスの産生は主に同所的に行われていることや、ウイルス産生が日周性を持っていることが示された。

発表論文(謝辞あり)

1. Nishimura Y, Yoshida T, Kuronishi M, Uehara H, Ogata H, Goto S. ViPTree: the viral proteomic tree server. *Bioinformatics*. 2017 Mar 30;33(15):2379-80.
2. Yoshida T, Nishimura Y, Watai H, Haruki N, Morimoto D, Kaneko H, Honda T, Yamamoto K, Hingamp P, Sako Y, Goto S. Locality and diel cycling of viral production revealed by a 24 h time course cross-omics analysis in a coastal region of Japan. *The ISME journal*. 2018 Jan 30:1.