

巨大ウイルスの分離と比較ゲノム解析
Isolation of giant viruses and comparative genomics

京都大学理学研究科 生物科学専攻 理論分子生物学 吉田亘騎

研究成果概要

世界各地で巨大ウイルスの分離例が報告されてきたが、近年それらの局所的多様性が明らかになった。そこで、その多様性の意味を調べるために河川や池から巨大ウイルスの分離を行い、スーパーコンピュータシステムを用いて比較ゲノム解析を行った。

京都府から分離された14株と新潟県から分離された8株のウイルスのゲノムシーケンシングとアセンブリを行った。配列相同性から近縁種を特定し、ゲノムサイズ比較によりほぼ完全なゲノムであることを確認した。結果として、京都府から6種類のマルセイユウイルスと1種類のメドューサウイルス、新潟県から8種類のマルセイユウイルスのほぼ完全なゲノム配列が得られた。

マルセイユウイルス科のゲノム配列から遺伝子領域を予測し、分子系統樹解析を行った結果、分離されたマルセイユウイルスは2つの系統に分類された。また、オーソログを予測し、保有パターンから各ウイルスのクラスタリングを行うと、分子系統樹のトポロジーとオーソログ保有パターンクラスタリングのトポロジーは系統内に違いがみられた。つまり、遺伝子配列の進化のみではなく遺伝子組成の進化が示唆された。

局所に存在するウイルスがゲノムの組換えを行っていると仮説を立て、検証を行った。マルセイユウイルスゲノムの相同領域を取り出し、ゲノム組換え検出ツールによる検出を行った結果、2つの系統内で組換えが検出された。同一地点で分離されたウイルスについても組換えが検出されたため、局所的多様性の意味の一つとして、組換えによる進化の促進が示唆された。このことから、巨大ウイルスは組換えによって多様性を獲得し、環境に対する適応力を高めていることが考えられた。

発表論文(謝辞あり)

発表論文(謝辞なし)