

真核生物 *Diphyllleia rotans* におけるゲノム DNA 中の内在性ウイルス様配列の探索
Search for endogenous viral elements in the genomic DNA of the eukaryote, *Diphyllleia rotans*

京都大学 薬学部 薬学研究科 バイオインフォマティクス分野 野澤 朋仁
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、真核生物である *Diphyllleia rotans* のゲノム DNA 中に巨大ウイルス由来の内在性ウイルス様配列 (GEVE: Giant Endogenous Viral Elements) が存在している可能性を検討した。*D. rotans* は CRuMs と呼ばれるクレードに属し、その系統発生分類は不明瞭である。また、CRuMs は真核生物のごく初期段階で形成されており、真核生物の起源や初期進化を解明する手掛かりとなる可能性が指摘されている。解析の具体的な手法としては、高分子 DNA を抽出してナノポアシーケンスを行い、生成したコンティグから予測された遺伝子中にウイルス由来のタンパク質があるかどうかを、ウイルスタンパク質の HMM プロファイルを用いて検索した。

結果として GEVE の同定には至らなかったが、ゲノム DNA 中に存在する可能性が得られた。本研究では *D. rotans* のゲノム DNA 配列のごく僅かな部分を解析したのみで、本研究で解析できなかった DNA 配列に GEVE が存在する可能性は高いと考えられる。

また、*D. rotans* は遺伝子リッチなミトコンドリアゲノムを持つという特徴を持つが、ミトコンドリアを完全に欠く真核生物である *Monocercomonoides exilis* との関連を示す結果が得られた。この結果は、真核生物の進化や起源への研究における *D. rotans* の重要性を示唆する。