

バイオインフォマティクスを用いた巨大ウイルスゲノムの解析

Analysis of giant virus genomes 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、巨大ウイルスがコードするアミノアシル tRNA 合成酵素 (aaRS) の分子系統解析を行った。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。一般的に、ウイルスは、自身の増殖に不可欠な、少数の遺伝子のみをコードする。これに対して、巨大ウイルスは非常に大きなゲノムを持ち、従来ウイルスが持たないと考えられてきた遺伝子を数多くコードする。その一例が、翻訳に関わる遺伝子群である。2003 年に報告されたミミウイルスは 1.2 Mbp という微小な細菌に匹敵するゲノムを持ち、ウイルスとして初めて aaRS をコードしていた (La Scola et al. 2003; Raoult et al. 2004)。この発見に続き、aaRS をコードするウイルスが複数発見され、20 種のアミノ酸すべてに対応する aaRS を持つウイルスも単離された (Abrahao et al. 2018)。aaRS は生物に必須な遺伝子であり、こうした巨大ウイルスにおける aaRS の発見は、生物とウイルスの間の進化的関係性を明らかにする重要な情報になると期待された。しかし、先行研究では利用できる aaRS の配列数が限られており、信頼性の高い系統解析を行うことが難しかった。本研究では、大規模メタゲノムデータから得られた 273 のウイルスゲノム中に同定された 780 のウイルス aaRS を用いて系統解析を行った。その結果、巨大ウイルスは複数の aaRS を真核生物の確立以前の水平伝播によって獲得したことが示唆された。この結果は、巨大ウイルスが、真核生物の確立以前という非常に古い時代から、翻訳遺伝子を含む多様な遺伝子をコードする複雑なゲノムを持っていたことを示す。なお、本研究は下記の発表論文に関わる複数研究者の共同研究であり、当該利用者の担当部分は上述の解析の一部である。

また、本研究では上記の課題に加え、琵琶湖の湖底堆積物から得られたパンドラウイルスの新規単離株のゲノム解析も行った。この解析を通じて、新規パンドラウイルス株が、巨大ウイルス進化に新たな知見をもたらす興味深い特徴を持っていることが明らかになった。この結果については、現在解析を進め論文投稿の準備を進めている。

発表論文(謝辞あり)

Soichiro Kijima, Hiroyuki Hikida, Tom O Delmont, Morgan Gaïa, Hiroyuki Ogata. **Complex genomes of early nucleocytoviruses revealed by ancient origins of viral aminoacyl-tRNA synthetases.** *Molecular Biology and Evolution*, 2024; 41 (8): msae149.