

巨大ウイルスゲノムのアセンブリ手法評価
Assessment of genome assembly methods for giant viruses

京都大学 化学研究所 化学生命科学研究領域 足田弘之

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、ロングリードを用いた巨大ウイルスのゲノムアセンブリ手法の評価を行なった。巨大ウイルスとは、2003 年に報告された、ウイルスとして規格外の大きさのゲノム、および粒子を持つウイルスである。近年の大規模メタゲノム解析から、巨大ウイルスが高い多様性を持つこと、および環境中に普遍的に存在することが知られている。これらのウイルスは主に原生生物に感染すると考えられており、自由生活性アメーバと共に環境サンプルを培養する「共培養」と呼ばれる手法により、多様な巨大ウイルスが単離されている。一方、これらの単離株の内、ゲノムレベルの解析が行われた株は少数にとどまる。これは、全ゲノムシーケンスにかかる時間と費用が多大であることに起因する。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ナノポアシーケンスのみを用いることで、共培養によって単離されたウイルス株の全ゲノム解析を迅速に行うことを目指し、その精度に関して種々の比較を行った。ナノポアシーケンスは簡便なシーケンスが可能な一方、シーケンスの精度において、他の手法に劣る部分があることが知られている。そのため、通常は精度の高い他のシーケンス技術と組み合わせる。本研究ではこの点について、カバレッジを高めることでナノポアシーケ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。本研究ではさらに、環境中から共培養によって得られた新規ウイルス株について、同様の手法で全ゲノム解析を行った。現在、これらの内容について、論文化を進めている。