

ウイルス感染および進化のバイオインフォマティクス解析
Bioinformatics analysis for viral infection and evolution

国立健康危機管理研究機構 国立感染症研究所 ウイルス第一部第三室 疋田弘之

研究成果概要

本研究では、パンドラウイルスのゲノム解析、およびゲノム情報を利用した分子系統解析を行った。パンドラウイルスとは、いわゆる巨大ウイルスと呼ばれる、ウイルスとして規格外に大きい二本鎖 DNA ウイルスの一種である。パンドラウイルスは巨大ウイルスの中でも特に大きい、約 2 Mbp ゲノムと、約 1 μm の卵型のウイルス粒子を持つ (Philippe et al. 2013)。他の巨大ウイルスに見られる Major capsid protein を持たず、パンドラウイルスに特異的な遺伝子を数多く持つなど、巨大ウイルスの中でも特異なウイルスであり (Krupovic et al. 2020)、その進化を紐解くことは、ウイルス進化を解明する重要な手掛かりになると期待される。本研究では、琵琶湖湖底堆積物から自由生活性のアメーバである *Acanthamoeba castellanii* との共培養によって単離された新規パンドラウイルスについて、ゲノム解析を行った。既報の手法 (Hikida et al. 2023) のとおり、ゲノム DNA をロングリードシーケンサ、およびショートリードシーケンサで解析し、得られたデータをアッセンブルすることで、1,970,084 bp のウイルスゲノムを得た。また、巨大ウイルスの種の分類において一般的に用いられている Average Nucleotide Identity (ANI) を指標に新規ウイルスの分類を検討し、このウイルスが既知の Pandoravirus pampulha、および Pandoravirus japonicus と同じ種に属する新規系統であると結論した。これらのウイルスはいずれも 97~98% 程度の高い ANI を示しており、ゲノム配列が非常に近いことが示された。一方、新規パンドラウイルスのゲノムは、既知の 2 系統のウイルスよりも約 200 kbp 大きかった。詳細な解析の結果、新規パンドラウイルスは同種のウイルスにはない、180 kbp の連続した領域を有することが明らかになった。系統的に離れたパンドラウイルスについて、この領域の有無を調査したところ、この領域と配列に相同性が認められる領域が、同じクレードに属する別種のウイルスのゲノムに見つかった。この領域の GC 含量、およびコードされているタンパク質の相同性をゲノム中の他の領域を比較したところ、この領域が水平伝播によって獲得されたことが示唆された。本研究は、パンドラウイルスが 180 kbp におよぶ巨大な領域を水平伝播によって獲得できる可能性を示しており、巨大ウイルス進化の過程を紐解くうえで重要な示唆を与えると考えられる。なお、本研究の内容はプレプリントとして公開済みであり、現在論文投稿中である。

発表論文(謝辞あり)

Hiroyuki Hikida, Ruixuan Zhang, Jingjie Chen, Yusuke Okazaki, Hiroyuki Ogata. **Horizontal transfer of a 180-kbp genomic fraction among the largest viral genomes.** *bioRxiv*, 2025; 2025.04.28.650931