

一般財団法人 日本生物科学研究所
第二研究会開催のお知らせ

次なる感染症対策へ向けた大規模ウイルス探索とその性状解析

堀江 真行 先生

大阪公立大学大学院獣医学研究科 獣医微生物学教室

日時：2022年12月14日（水）13:15 - 15:00

場所：オンライン開催

【要旨】

ヒトや動物の新興感染症の多くは、未知のウイルスの異種間伝播によって引き起こされてきた。そのため、感染症の制御には多くの動物からウイルスを探索し、ウイルスの多様性を徹底的に解明する、すなわち「ウイルスカタログ」のようなものを充実させる必要がある。しかし、地球上の様々な動物に感染するウイルスのうち、私たちが知っているウイルスはごくわずかに過ぎないと考えられている。これは、①これまでのウイルス探索の多くが「病気を起こすウイルス」を対象としてきたこと、②これまでのウイルス探索には技術的限界があったことによる。

近年、ウイルス探索における革命が起こった。ハイスループットシーケンス（HTS、次世代シーケンスともよぶ）は、対象となる検体に存在する核酸の塩基配列を網羅的に解読する手法である。HTSによるウイルス探索（ウイルスメタゲノム解析）は極めて強力であり、これまでに膨大な数の新規ウイルス（様配列）が次々と同定されてきた。しかし、ウイルスメタゲノム解析には、採材、検体の適切な前処理、ライブラリ調整、シーケンスなど、多大な労力と費用を要するため、ウイルスメタゲノム解析を際限なく続けることは不可能である。

そこで我々はデータの「再利用」に着目した解析により、ウイルスの探索を試みた。NCBIのSRAといった公共データベースには、様々な研究

において得られた多様な動物に由来するHTSデータが大量に存在する。我々はこれらのデータを再解析し、大規模なウイルス探索を行った。その結果、様々な脊椎動物から多数の新規ウイルスを発見するとともに、いくつかのウイルスについてはその進化の過程において、異種間伝播が起こっていたことを示した。また発見した一部のウイルスについては、その性状解析も試みている。これらの成果は今後のウイルス感染症対策の礎となるであろう。

本講演では、ウイルス探索の重要性を概説するとともに、上記のデータベースを利用したウイルス探索に関する最新の成果を紹介したい。また、特に非モデル動物を使用する実験における隠されたウイルス感染の実例についても紹介するとともに、今後のウイルス探索の方向性についても議論したい。



主催
一般財団法人 日本生物科学研究所
<http://nibs.lin.gr.jp/>