

ID No.	3059
研究課題名	新興ウイルス感染症対策へ向けたウイルスメタゲノムと内在性ウイルス様配列の解析
研究代表者	堀江 真行 (京都大学・特定准教授)
研究組織	
受入教員	河岡 義裕 (東京大学医科学研究所・教授)
研究分担者	川崎 純菜 (京都大学・大学院生) 渡辺 登紀子 (東京大学医科学研究所・特任准教授)
研究報告書	<p>採材および糞便サンプルからのウイルス配列を検出する手法の確立：本年度は河岡教授、渡辺准教授らがシエラレオネにて26頭のコウモリおよび777個のアジサシの糞便の採材を行った。上記のアジサシの糞便について、密度勾配遠心を行い、各画分を電子顕微鏡にて観察したところ、特定の画分において多数のウイルス様粒子を確認した。上記のウイルス様粒子が確認された画分より核酸を抽出し、逆転写の後ライブラリを作成し、次世代シーケンスを行った。得られたデータを用いてウイルス様配列の探索を行ったところ、コロナウイルス、ピコルナウイルス、パルボウイルスなどの多数のウイルス様配列が検出された。驚くべきことに、宿主由来のリードは少なく、極めて効率のよいウイルス探索法を</p> <p>内在性ウイルス様配列 (EVE)：本年度はモデルケースとしてボルナウイルスに着目し、解析手法の確立を行った。これまでにボルナウイルス由来EVEの検出、さらには検出したEVEの内在化年代と宿主の決定を半自動的に行うパイプラインを作成した。この解析により、これまでに哺乳動物からは検出されていない系統のボルナウイルスが、過去に多様な哺乳動物に感染した証拠が得られた。</p>