

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 研究分担者	河岡 義裕(東京大学医科学研究所・教授) 渡辺 登喜子(大阪大学・教授) 川崎純菜(京都大学・大学院博士課程)
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の検出と解析:昨年度に採材した777個のアジサシの糞便由来の検体・および確立した核酸抽出法を用いてさらなる次世代シーケンス解析を行い、コロナウイルス、パルボウイルス等の多数のウイルス由来の遺伝子配列断片を検出した。予備的な解析の結果において、多くはこれまでに報告されていない、新規のウイルスであると考えられた。現在、さらにシーケンスリードの数を増やし、全長ゲノムの再構成を行っている。</p> <p>内在性ウイルス様配列(EVE):昨年度に引き続き、モデルケースとして人獣共通感染症の原因ウイルスとしても重要なボルナウイルスに着目し、昨年度に開発したパイプラインを改良して解析を行った。その結果、過去にボルナウイルスが多様な哺乳動物に感染していたことが明らかとなった。特に、霊長類動物や様々なウイルスを保有されるとされるコウモリが、様々な系統のボルナウイルスの感染を繰り返し受けてきたことが明らかとなった。これは現在もこれらの動物にボルナウイルスが存在していることを示唆しており、ウイルス感染症対策に向けて重要な知見が得られた。現在はさらに幅広いウイルスへと解析を拡張するため、人獣共通感染症としても重要なウイルスの多いモノネガウイルス目全体の解析にも着手した。</p>