

大規模遺伝情報を活用したRNAウイルス関連研究

中川 草 先生

東海大学医学部 分子生命科学

DNAシーケンス技術の発展により、様々なRNAウイルスが多様な環境、そして生物のゲノムの中にも存在することが大規模塩基配列のデータ解析によって明らかになってきた。特に、ヒトを含めた哺乳類ゲノムには様々なウイルスに由来する遺伝子が存在し、胎盤や皮膚の発生やウイルス感染を防ぐなどの機能を果たすことがわかってきた。特に、胎盤の形成と維持には、レトロウイルスの膜タンパク質 (env) 由来の遺伝子が関与することが明らかになった。その中でもenvに由来する遺伝子は膜融合能を持ち、多核細胞である合胞体性栄養膜細胞の形成に寄与するが、その由来が系統ごとに大きく異なっていることがわかってきた。我々はその進化的な現象を説明するために「バトンパス仮説」を提唱し、envに由来する配列が哺乳類のゲノムに多く存在するために、系統ごとに置き換わりが生じているのではないかと考えた。しかし、様々な研究の結果、一部のウイルス由来の遺伝子は様々置き換わる一方で、置換されていないウイルス由来の遺伝子も多く存在することがわかった。置換される遺伝子は、宿主の受容体と相互作用して機能するものが多く、ウイルスと受容体の相互作用が関係して、ウイルス由来の遺伝子が大きく変わってしまうのではないかと考えた。

また、様々な環境に由来するRNAシーケンスデータを解析し、新規RNAウイルスの同定を行っている。本研究を加速させるため、RNAウイルスに特有のRNA依存性RNAポリメラーゼ (RdRp) のデータベースの開発を進めている (NeoRdRp, <https://github.com/shoichisakaguchi/NeoRdRp>)。様々なRNAウイルスのRdRpを配列類似度に基づいてクラスタリングし、クラスターごとに隠れマルコフモデル (HMM) プロファイルを構築した。このHMMプロファイルを活用して様々な生物由来のRNA-seqデータからRNAウイルスの同定ができる。また、RNAウイルス感染症に関しても、大規模塩基配列を活用した比較ゲノム解析研究を進めている。エボラウイルス、そして新型コロナウイルスに関して、その性状を決める突然変異について明らかにしてきた。本講演では大規模塩基配列を活用して解析した様々なRNAウイルスに関する研究を紹介し、今後のRNAウイルス研究の方向性について議論したい。

2023年9月27日(水) 17時30分～

東北メディカル・メガバンク棟
7F ミーティングルーム1

お問合せ先

東北大学 未来型医療創成センター/
東北メディカル・メガバンク機構
ゲノム医科学情報学分野

seminar@igm.megabank.tohoku.ac.jp

