

(様式2)

令和4年度研究助成（海外渡航費）研究成果報告書

2022 年 11 月 2 日

公益財団法人遺伝学普及会 代表理事 殿

貴財団より助成のありました研究の成果を下記のとおり報告します。

海外渡航者氏名 西村 瑠佳



出席学会等名称 アメリカ人類遺伝学会 (ASHG) Annual meeting 2022

開催場所 アメリカ合衆国

開催期間 2022 年 10 月 25 日 ～ 2022 年 10 月 29 日

渡航期間 2022 年 10 月 24 日 ～ 2022 年 10 月 31 日

研究成果の概要

私はアメリカ人類遺伝学会 (ASHG) が開催する 2022 年度の年會に参加し、ポスター発表での研究報告と研究に関連した情報収集を行った。今回は新型コロナウイルス感染症によるパンデミック以後初めて対面形式での開催となり、ロサンゼルス国際會議に 7000 人程度の参加者が世界各国から集まった。人類遺伝学に関係する研究をおこなっている研究者やスポンサー企業の人々が一堂に會し、5 日間に渡って 47 の招待講演や 39 の口頭発表、2543 のポスター発表など多岐にわたるイベントが行われた。

筆者は古代人由来の DNA のゲノム解析から明らかになった古代のウイルスについてポスター発表で報告した。報告内容を以下に簡単に記す。これまで特に日本では古代人の体内に存在したと推定される古代ウイルスについてほとんど知られていなかった。そこで筆者は縄文人など日本列島に生存していた古代人の歯から抽出された DNA を全ゲノムシーケンシングで配列解析を行い、そこに含まれる古代ウイルスの遺情情報を明らかにした。相同性検索により、現代の既知のウイルスと類似の古代ウイルスを見つけただけでなく、相同性検索によらない方法も用いることによって、数百を超える古代ウイルスを網羅的に探索した。これまでの古代ウイルス研究は特定のヒトや植物の病原ウイルスに注目したものが多かったが、本研究によって古代ウイルス群集の一端が明らかとなった。また、得られた古代ウイルスゲノムの中でも完全長を復元することにも成功し、そのゲノムの構造や数千年にわたる進化過程を明らかにした。このように古代ウイルス探索を行うことはウイルス進化の解明にも役立つことが示唆された。

今回のポスター発表では古代 DNA やヒトのウイルスに関連した研究を行う研究者をはじめ多くの研究者に来ていただき、様々な視点からのアドバイスを得ることができた。特に、古代 DNA 研究者からは、古代 DNA 研究で脅威となる現代の DNA 配列のコンタミネーションへの対応策や解析手法などに関連する点について建設的な意見をいただいた。得られたアドバイスは今後の研究に反映する予定である。

学会全体として人類遺伝学会という学会の特性上、ヒトの疾患と関連したゲノム解析についての発表が多かったが、どの発表も非常にレベルが高く大変感銘を受けた。それらの発表を通じてゲノム関連解析や機械学習を取り入れた大規模データ解析など、最先端の研究や様々な解析手法などについて学ぶことができた。また、国内の学会だけでは知り得ないような英語圏での発表や議論の進め方などについても直に知ることができた。

新型コロナウイルス感染症拡大に伴いこれまで多くの学会がオンラインで開催されていたため、筆者にとって今回が初めての対面形式での国際学会参加となった。オンラインでは経験できないような密なコミュニケーションやディスカッションを通じ、大変有意義な時間を過ごすことができた。昨今の物価上昇と急激な円安の影響により、飛行機代やホテル代が高騰しているという状況下にて上記で述べたような貴重な経験を積むことは、遺伝学普及会による援助無しでは不可能であったと考えられる。この場を借りて感謝申し上げる。

PB2764 - Ancient virome analyses of ancient individuals who lived in the Japanese archipelago

[View session detail](#)

Author Block: L. Nishimura^{1,2}, R. Sugimoto³, H. Kanzawa-Kiriyama⁴, K. Shinoda⁴, I. Inoue^{3,2}; ¹Natl. Inst. of Genetics, Mishima, Japan, ²The Graduate Univ. for Advanced Studies (SOKENDAI), Mishima, Japan, ³Natl. Inst. of Genetics, Mishima, Japan, ⁴Natl. Museum of Nature and Sci., Tsukuba, Japan

Ancient viral sequences have been discovered in historical samples such as bones, teeth, and mummified tissues. Various ancient human pathogenic viruses have been discovered since the RNA of ancient influenza viral was analyzed in 1997. Those ancient viruses help elucidate past pandemic events and long-term viral evolution. However, the number of discovered ancient viruses has been limited. Here, we analyzed whole genomic sequencing (WGS) data derived from ancient individuals who lived in the Japanese archipelago for more than thousands of years to discover ancient viruses. We conducted several bioinformatic analyses to detect the ancient viruses from WGS data: de novo assembly to obtain longer sequences, contigs and reads alignment to known viral reference sequences, metagenomic profiling, and non-homologous viral detection using CRISPR immunological memories of host bacteria. Firstly, we recovered an almost complete sequence of Siphovirus contig89 (CT89) by assembling and characterized its genomic features. Based on its genomic characteristic, we compared the ancient CT89 genomes and modern ones to comprehend the long-term evolution of the CT89 virus. The result indicated that the most recent common ancestor of CT89 was around 7,900 years ago. We also detected five ancient viral sequences that did not show homology with modern viral sequences. It might reflect highly diverged or extinct ancient viral genomes. Then, we characterized ancient viromes of each ancient individual based on the reads alignment results and metagenomic profiling. It revealed the differences between ancient and modern Japanese viromes, and it might reflect the different dietary behavior of ancient people. Overall, our results suggested that the ancient viral analyses might be useful for understanding the existence of viruses in the past and long-term viral evolution.