

(様式2)

令和4年度研究助成（海外渡航費）研究成果報告書

2023年1月6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 杉本竜太

出席学会等名称

開催場所 アメリカ合衆国 カリフォルニア州 ロサンジェルス

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30日

研究成果の概要

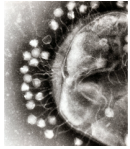
2022年度アメリカ人類遺伝学会年会に参加し、CRISPR 免疫記憶を利用したファージゲノム検出法の研究成果をポスター発表した。人類遺伝学及び微生物学の専門家と研究内容と結果についての詳細な議論を行った。議論を通して発表者はRNA ウイルスの発掘や、新規ファージの同定法について新しい知見を得た。またアメリカ合衆国における人類遺伝学の最先端の研究発表を聴講し、多くの新規知見を得た。

Comprehensive discovery of CRISPR-targeted sequences in the human gut metagenome

Ryota Sugimoto¹, Luca Nishimura^{1,2}, and Ituro Inoue¹

¹National Institute of Genetics, JAPAN, ²The Graduate University for Advanced Studies, SOKENDAI, JAPAN

Introduction

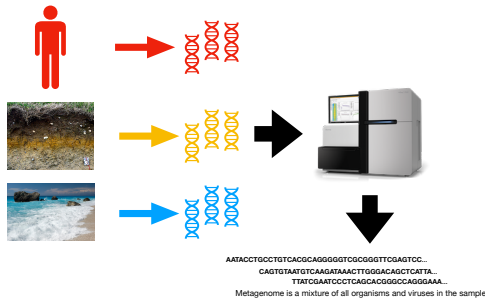


About 10^{31} viruses on Earth

Number of sand grains: 10^{18}
Number of bacterial cells: 10^{30}

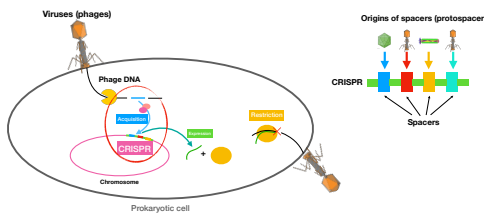


From metagenome we can discover diverse viral genomes



How do we extract viral sequences from metagenome?

CRISPR encodes partial viral genomes

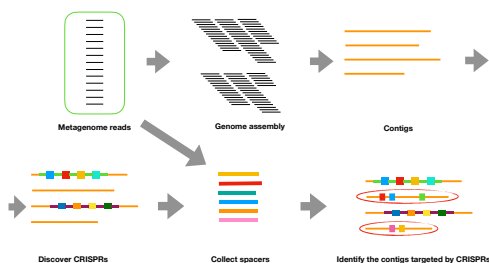


Using CRISPR spacer, we can extract viral genomes from metagenome.

- Pros
- Does not rely on a reference genome
 - We can infer the CRISPR-targeting hosts using the CRISPR direct repeats
- Cons
- CRISPRs target non-viral mobile genetic elements too

Method

Analysis pipeline

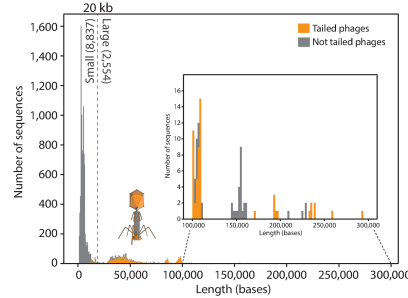


Result 1

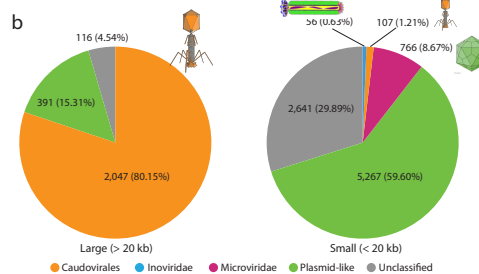
- Analyzed 11,817 human gut metagenome datasets (50.7 Tb)
- Assembled 180,068,349 (767.7 Gb) contigs
- Extracted 1,969,721 unique CRISPR spacers

Extracted 11,391 CRISPR-targeted terminally redundant sequences

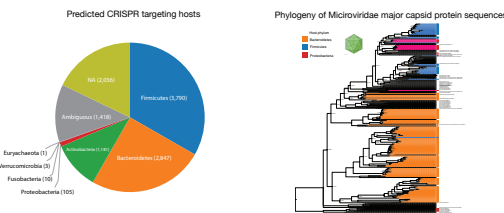
Length distribution of CRISPR-targeted sequences



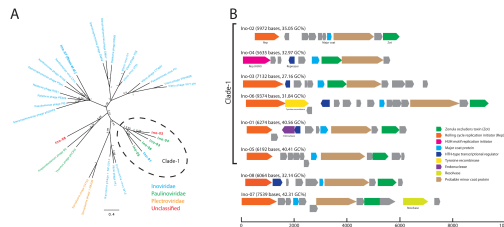
Classification of CRISPR-targeted sequences



CRISPR-targeting hosts were predicted for about 70% of the discovered sequences

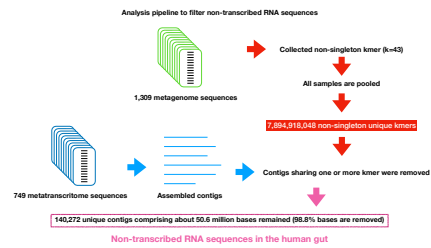


Novel *Inoviridae* species were discovered



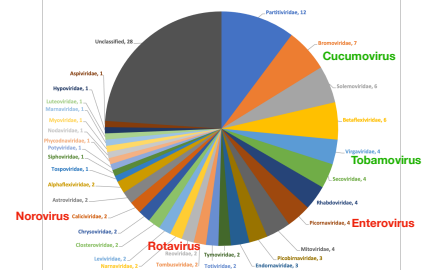
Result 2

Non-transcribed RNA sequences from human gut metatranscriptome

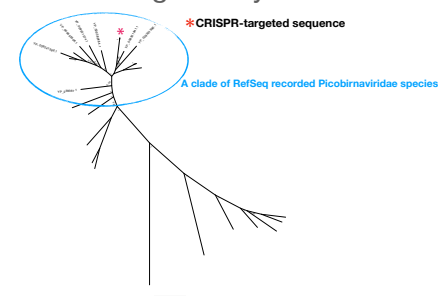


About 5% of these sequences encoded RNA-dependent RNA polymerases (RdRPs)

Taxonomic assignments of discovered RdRPs

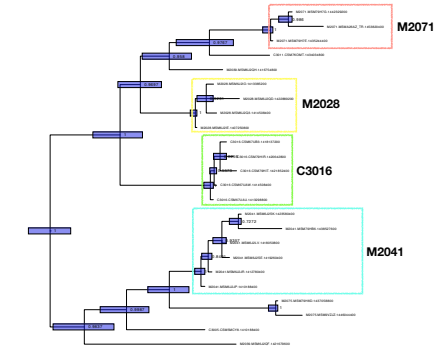


A *Picobirnaviridae* species was targeted by CRISPR



Fast clock rate of the *Picobirnaviridae* species

Phylogenetic analysis under strict molecular clock model



The estimated clock rate is 0.00949 substitutions per site per year