

藤野寛（微生物学）、加瀬ちひろ（動物行動管理学）

研究の背景

本研究では、公共データベース及び様々な生物を介して、対象生物及び環境中に存在するウイルスを探索することを目的としています。

ウイルスは細菌とは異なり生物の細胞内でのみでしか増殖できません。この制限のために、ある環境中のウイルスを探索する際には、何らかの方法での濃縮を行う必要があります。私たちは、この濃縮方法として、捕食動物による濃縮を利用しました。この方法では対象生物に感染するウイルスに加えて、その環境中のウイルスまで網羅的に発見できると考えられます。

これまでの所、プラナリアからは自身に感染するウイルスに加えて貝やエビに由来する新規のウイルス、テントウムシからはアブラムシに感染する新規のウイルスなどを発見しています。

アプローチ

公共データベースから任意の生物のゲノム及び次世代シーケンスの情報をダウンロードし、解析対象とします。あるいは、野外にて対象の生物を採取し、核酸抽出・次世代シーケンスを実施します。これらのデータを基に解析を行い、新規ウイルス様配列を探索します。野外のサンプルから新規のウイルス様配列を発見した場合は、in situ hybridizationによる解析等を行い、ウイルスの性状を決定します。

期待される結果

新規のウイルス配列を発見する事が出来ます。新規のウイルスなので、命名ルールに則り名称を決定し、全長配列を決定し、コードするタンパク質を登録し、報告する事が出来ます。

対象生物自身に感染するウイルスが見つかった場合は、さらなる解析を行うことができます。

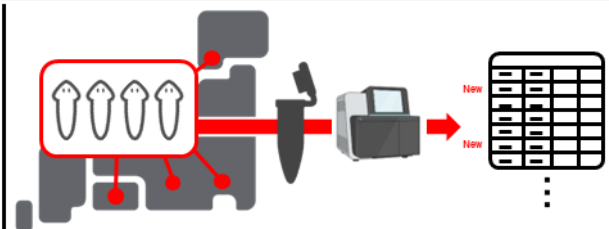
募集方法

wetの解析(実際に生物を使用した実験)からdryの解析(PCを用いた解析)まで様々な手法を用いることとなります。そのため、色々な事に興味を持って積極的に取り組める人を募集します。また、採材時は野外での作業となりますので、体力も必要です。

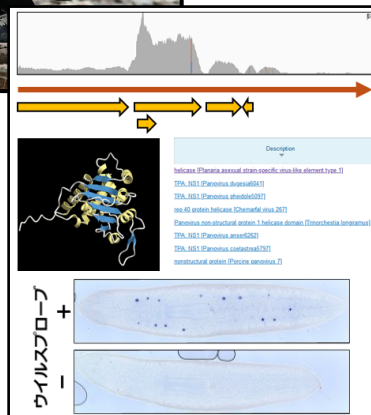
募集人数：1～2人、選抜方法：教員との面談等により総合的に判断

問い合わせは 藤野 (k-fujino@azabu-u.ac.jp) までメールでお願いします。

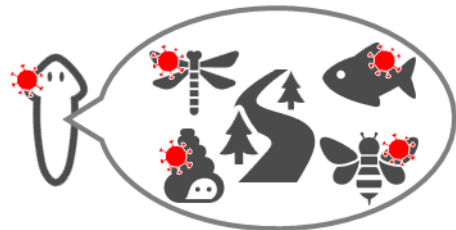
研究計画・概要



対象生物・公共データベースから配列を取得し、新規ウイルス様配列を探索する。



期待される結果



対象生物を介して、自身の感染ウイルスや摂食された生物に感染している未知のウイルスを網羅的に検出する事が出来る。