

**【目的】** 多因子疾患や生活習慣病は、環境要因と遺伝要因が相加・相乗的に作用することにより発症する。多因子疾患の多くが、免疫・炎症の異常に関連があり、またこれらの異常は、ウイルス感染によって惹起される。そのため、ウイルス感染が疾患のリスクファクターの一つとなる可能性は十分に想定される。たとえば、RS ウイルス感染が、多因子疾患の一つである小児喘息と関連があることが指摘されている。他方、「衛生仮説 (hygiene hypothesis)」で提唱されるように、ウイルスの不顕性感染が、疾患の発症を抑制する因子となる可能性も考えられる。実際に、ガンマヘルペスウイルス感染マウスモデルにおいて、このウイルスの感染により、気管支喘息の発症が抑制されることが示されている。このように、常在するウイルスの感染がヒトの健康に影響を与えている可能性は十分に考えられるが、常在ウイルスの解析のために健康人に侵襲的操作を加えることは倫理的にも極めて困難であり、解析が進んでいなかった。そこで本研究では、米国ブロード研究所が主導する Genotype-Tissue Expression (GTEx) プロジェクトに着目し、これまででは見出されなかった疾患の要因としてのウイルス感染の可能性を網羅的に検出することを目的とした。

**【方法】** GTEx には、検死検体などから取得された、547 人の 51 種類の組織からなる合計 8,991 サンプルの RNA シークエンス (RNA-seq) データが含まれている。もし、その検体のいずれかにウイルスが感染しているのであれば、その RNA-seq データの中にもウイルス由来の配列が含まれていることが想定される。そこで、RNA-seq データから 5,139 種類のウイルス由来の配列を識別し、定量化するためのパイプラインを構築し、GTEx に含まれる RNA-seq データ全てに対して網羅的にメタトランスクリプトーム解析を実施した。

**【結果】** GTEx が提供する計 8,991 サンプルの RNA-seq データの大規模メタ解析により、39 種類のウイルスが、ヒトのさまざまな組織に常在していることを明らかにした。また、ヒト遺伝子発現の関連解析により、ウイルスの感染が、ヒト遺伝子発現パターンに影響を与えていることを示唆する結果を得、研究成果を論文として発表した (Kumata et al., *BMC Biol*, 2020)。

描出した健康人のヴァイローム

