

## 令和2年度 京都大学化学研究所 スーパーコンピュータシステム 利用報告書

### 化学生命科学研究領域の研究報告

#### Research Achievement of the Laboratory of Chemical Life Science

京都大学化学研究所化学生命科学研究領域 緒方 博之

#### 研究成果概要

京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用して、巨大ウイルスのゲノム・メタゲノム解析を行うと同時に、微生物生態学関連のバイオインフォマティクス研究を行った。

具体的には下記を実施した。

(1)メドゥーサウイルス・ステンノのゲノム解析(張瑞軒、キンバリー・ガルシア)、東京理科大との共同研究によるメドゥーサウイルス・メドゥーサのトランスクリプトーム解析(張瑞軒)、ベルゲン大学の Ruth-Anne Sanndaa、仏国 CEA の Romain Blanc-Mathieu と共同研究で、ハプト藻に感染する巨大ウイルス PkV RF01 のゲノム解析(伴広輝)、マルセイユウイルスのゲノム組換(キンバリー・ガルシア)など、巨大ウイルスのゲノム、感染戦略に関する研究、(2)生物炭素ポンプと真核ウイルスの関係精査(Roman Blanc-Mathieu、金子博人、遠藤寿)、(3)京都大学農学研究科、高知大学との共同研究による、メガウイルス科ウイルスの多様性及び生物地理・環境動態の解析(Florian Prodinge、夏駿)、北極圏における真核生物と巨大ウイルスの生物地理(遠藤寿、夏駿)、(4)仏国 CNRS Samuel Chaffron、国 CEA の Romain Blanc-Mathieu との共同で、巨大ウイルスの宿主予測法の精度の検証(孟令傑、方悦)、(5)仏国 CNRS Tom Delmont との共同で巨大ウイルス環境ゲノム中の新規遺伝子探索、特に巨大ウイルス由来のミオシン遺伝子の系統解析(木島壮一郎)、(6)ウイルス-宿主データベースの開発(朱夢迪)、(7)珪藻、パルマ叢のゲノム解析(伴広輝)、(8)リモートセンシングデータからの海洋微生物群集構造の予測法開発(金子博人)、(9)近畿大学との共同により、ガンキリンが腸内細菌叢に及ぼす影響の評価(西山拓輝)、潰瘍性大腸炎患者の抗 TNF- $\alpha$  療法後の長期寛解と腸内細菌叢の関連解析(西山拓輝)、irAE の疾患の腸内細菌叢の解析(橋本謙太郎、西山拓輝)。

#### 発表論文(謝辞あり)

- [1] Sakurai T., Nishiyama H., Sakai K., De Velasco M.A., Nagai T., Komeda Y., Kashida H., Okada A., Kawai I., Nishio K., Ogata H., Kudo M. Mucosal microbiota and gene expression are associated with long-term remission after discontinuation of adalimumab in ulcerative colitis. *Sci. Rep.*, 10, 19186 (2020).
- [2] Nishiyama H., Endo H., Blanc-Mathieu R., Ogata H. Ecological structuring of temperate bacteriophages in the inflammatory bowel disease-affected gut. *Microorganisms*, 8, E1663

(2020).

- [3] Endo H., Blanc-Mathieu R., Li Y., Salazar G, Henry N., Labadie K., de Vargas C., Sullivan M.B., Bowler C., Wincker P., Karp-Boss L., Sunagawa S., Ogata H. Biogeography of marine giant viruses reveals their interplay with eukaryotes and ecological functions. *Nat. Ecol. Evol.*, 4, 1639-1649 (2020).
- [4] Miyazaki K., Watanabe H., Yoshikawa G., Chen K., Hidaka R., Aitani Y., Osawa K., Takeda R., Ochi Y., Tani-ichi S., Uehata T., Takeuchi O., Ikuta K., Ogawa S., Kondoh G., Lin Y.C., Ogata H., Miyazaki M. The transcription factor E2A activates multiple enhancers that drive Rag expression in developing T and B cells. *Sci. Immunol.*, 5, eabb1455 (2020).
- [5] Tominaga K., Morimoto D., Nishimura Y., Ogata H., Yoshida T. In silico prediction of virus-host interactions for marine Bacteroidetes with the use of metagenome-assembled genomes. *Front. Microbiol.*, 11, 738 (2020).
- [6] Prodinger F., Endo H., Gotoh Y., Li Y., Morimoto D., Omae K., Tominaga K., Blanc-Mathieu R., Takano Y., Hayashi T., Nagasaki K., Yoshida T., Ogata H. An optimized metabarcoding method for Mimiviridae. *Microorganisms*, 8, E506 (2020).
- [7] Sakurai T., Nishiyama H., Nagai T., Goto S., Ogata H., Kudo M. Deficiency of Gankyrin in the small intestine is associated with augmented colitis accompanied by altered bacterial composition of intestinal microbiota. *BMC Gastroenterol.*, 20 12 (2020).
- [8] Aramaki T., Blanc-Mathieu R., Endo H., Ohkubo K., Kanehisa M., Goto S., Ogata H. KofamKOALA: KEGG ortholog assignment based on profile HMM and adaptive score threshold. *Bioinformatics*, 36, 2251-2252 (2020).

発表論文(謝辞なし)