

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、(1) 東京理科大との共同研究によるメドゥーサウイルスのゲノム解析(吉川元貴)、トランスクリプトーム解析(張瑞軒)、巨大ウイルス分離とゲノム解析(吉田亘騎、Romain Blanc-Mathieu)、(2) 生物炭素ポンプと真核ウイルスの関係(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(李岩沢、Florian Proding、夏駿、孟令杰)、(4) 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)、(5) NCLDV の実験及び理論による宿主同定(孟令傑)、(6) 仏国 CNRS 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(宮崎うらら)、(7) ウイルス-宿主データベースの開発(山本留美子)。ウイルス関連以外の研究では、(8) 珪藻、パルマ叢のゲノム解析(Roman Blanc-Mathieu、伴広輝)、(9) 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)、(10) 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- α 療法後の長期寛解と腸内細菌叢の関連解析(西山拓輝)、潰瘍性大腸炎患者の便移植療法による腸内細菌叢の変動解析(橋本謙太郎)、(11) KO の予測ツールの開発(荒巻拓哉)を行った。

発表論文(謝辞あり)

1. Yoshikawa G., Blanc-Mathieu R., Song C., Kayama Y., Mochizuki T., Murata K., Ogata H., Takemura M. Medusavirus, a novel large DNA virus discovered from hot spring water. *J. Virol.*, 93, e02130-18 (2019).
2. Li Y., Endo H., Gotoh Y., Watai H., Ogawa N., Blanc-Mathieu R., Yoshida T., Ogata H. The earth is small for “leviathans”: long distance dispersal of giant viruses across aquatic environments. *Microbes Environ.* 34, 334-339 (2019).
3. Okazaki Y., Nishimura Y., Yoshida T., Ogata H., Nakano S. Genome-resolved viral and cellular metagenomes revealed potential key virus-host interactions in a deep freshwater lake. *Environ. Microbiol.* doi: 10.1111/1462-2920.14816. (2019).
4. 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* btz859, doi: 10.1093/bioinformatics/btz859 (2019).
5. 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 Gastroenterology*, 20 12 (2020).

発表論文(謝辞なし)