

環境中の微生物およびウイルスを対象としたゲノム・メタゲノム解析  
Genomic and metagenomic analyses of environmental microbes and viruses

京都大学 化学研究所 化学生命科学研究領域 遠藤 寿

研究成果概要

本研究では、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、生体内あるいは環境中から取得したゲノムあるいはトランスクリプトーム情報の解析を実施した。

具体的な研究内容は下記の通りである。

- 九州南方海域・黒潮域の表層および中深層の溶存画分から採取した Cell-free rRNA のメタバーコーディング解析。
- 北太平洋の表層から採取した真核プランクトン群集に対する微量 RNA-seq サンプルの解析。
- 高知県浦ノ内湾から単離した藻類を用いた培養実験で得られた試料のトランスクリプトーム解析。
- 国際海洋探査プロジェクト *Tara Oceans* のメタゲノムデータを用いた海洋ウイルス群集と宿主藻類群集間の共起ネットワーク解析

発表論文(謝辞あり)

Ban H., Endo H., The EukBank Team, Kuwata A., Ogata H. Global distribution and diversity of marine Parmales. *bioRxiv* (2023) DOI: 10.1101/2023.11.09.5

Meng L, Delmont TO, Gaia M, Pelletier E, Fernandez-Guerra A, Chaffron S, Neches RY, Wu J, Kaneko H, Endo H, and Ogata H. Genomic adaptation of giant viruses in polar oceans. *Nature Commun.* 14, 6233 (2023) DOI: 10.1038/s41467-023-41910-6

Kaneko H, Endo H, Henry N, Berney C, Mahé F, Poulain J, Labadie K, Beluche O, Hourany R EI, Tara Oceans coordinators, Chaffron S, Wincker P, Nakamura R, Karp-Boss L, Boss E, Bowler C, de Vargas C, Tomii K, and Ogata H. Predicting global distributions of eukaryotic plankton communities from satellite data. *ISME Commun.*, 3, 101 (2023) DOI: 10.1038/s43705-023-00308-7

Ban H, Sato S, Yoshikawa S, Yamada K, Nakamura Y, Ichinomiya M, Sato N, Blanc-Mathieu R, Endo H, Kuwata A, and Ogata H. Genome analysis of Parmales, a sister group of diatoms, reveals the evolutionary specialization of diatoms from phago-mixotrophs to photoautotrophs. *Commun. Biol.*, 6, 697 (2023) DOI: 10.1038/s42003-023-05002-x