

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、微生物生態進化学関連の研究を行った。具体的には下記を実施した。

【ウイルス感染過程】 理研との共同研究によるミミウイルスの翻訳装置乗っ取りに関する Ribo-Seq 解析(張瑞軒)。ヴァイロファージの感染がアメーバ及び巨大ウイルスの遺伝子発現に及ぼす影響及び感染のための必要条件を解明するためのトランスクリプトーム解析(陳婧潔)。

【新規分類群の発見及び提案】 フランス CEA、CNRS、パスツール研究所との共同研究による新規ウイルス門 *Mirusviricota* の発見(孟令杰)。メドゥーサウイルスを含む新規分類群マモノウイルス科(*Mamonoviridae*)の提案(張瑞軒)。

【ウイルス進化解析】 巨大ウイルスの種の起源に関する解析(Russell Neches)。巨大ウイルスのウイルス間遺伝子水平伝播に関する研究(呉君毅)。巨大ウイルスのアミノアシル tRNA 合成酵素の進化解析(木島壮一郎)。マルセイユウイルス科におけるゲノム組換えの解析(キンバリー・ガルシア)。菌類における巨大ウイルス感染痕跡の解析、真核微生物ゲノムデータに基づくミルスウイルスの宿主の推定(趙宏達)。巨大ウイルスのプロモータの解析(唐威)

【ウイルス生態解析】 巨大ウイルス環境ゲノム構築法の樹立と長期時系列データへの応用(方悦)。赤潮ウイルス HaV の微細多様性の解析(夏駿)。無光層における巨大ウイルスの生態及び比較ゲノム解析(張利雯、劉文文、長坂孔明)。極域へのゲノム適応過程(孟令杰)。海洋における細胞外リボソムの種組成分析(菊谷咲季)。

【生物炭素ポンプの解析】 マリンスノーキャッチャーを利用した凝集体生命圏の分析(楊青偉)。東インド洋における微生物鉛直・水平分布の分析(劉文文)。

【藻類進化】 パルマ藻と珪藻の比較ゲノム解析、地理分布解析(伴広輝、佐々木裕人)。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)。

【バイオインフォマティクス解析】 ウイルス—宿主データベースの開発(緒方由紀)。KOfam の改善に向けた機械学習の応用(余兆熙)。比較ゲノム解析ツール DigAlign の開発(岡寄友輔)。

発表論文(謝辞あり)

- 1) Gaïa M., Meng L., Pelletier E., Forterre P., Vanni C., Fernandez-Guerra A., Jaillon O., Wincker P., Ogata H., Krupovic M., Delmont, T.O. Mirusviruses link herpesviruses to giant viruses. *Nature*, 616, 783-789 (2023).
- 2) Ban H., Sato S., Yoshikawa S., Yamada K., Nakamura Y., Ichinomiya M., Sato N., Blanc-Mathieu R., Endo H., Kuwata A., 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).
- 3) Hikida H., Okazaki Y., Zhang R., Nguyen T.T., Ogata H. A rapid genome-wide analysis of isolated giant viruses only using MinION sequencing. *Environ. Microbiol.*, 25, 2621-2635 (2023).
- 4) Kaneko H., Endo H., Henry H., Berney C., Mahé F., Poulain J., Labadie K., Beluche O., El Hourany R., Tara Oceans Coordinators, Chaffron S., Wincker P., Nakamura R., Karp-Boss L., Boss E., Bowler C., de Vargas C., Tomii K., Ogata H. Predicting global distributions of eukaryotic plankton communities from satellite data. *ISME Commun.*, 3, 101 (2023).
- 5) Meng L., Delmont T.O., Gaïa M., Pelletier E., Fernandez-Guerra A., Chaffron S., Neches R.Y., Wu J., Kaneko H., Endo H., Ogata H. Genomic adaptation of giant viruses in polar oceans. *Nat. Commun.*, 14, 6233 (2023).
- 6) Zhao H., Zhang R., Wu J., Meng L., Okazaki Y., Hikida H., Ogata H. A 1.5 Mb continuous endogenous viral region in the arbuscular mycorrhizal fungus *Rhizophagus irregularis*. *Virus Evol.*, 9, vead064 (2023).
- 7) Ban H., Endo H., The EukBank Team, Kuwata A., Ogata H. Global distribution and diversity of marine Parmales. *Microbes Environ.* (2024). - accepted

発表論文(謝辞なし)

- 1) Rigonato J., Budinich M., Murillo A.A., Brandao M.C., Pierella Karlusich J.J., Soviadan Y.D., Gregory A.C., Endo H., Kokoszka F., Vik D., Henry H., Fremont P., Labadie K., Zayed A.A., Dimier C., Picheral M., Searson S., Poulain J., Kandels S., Pesant S., Karsenti E., The Tara Oceans coordinators, Bork P., Bowler C., de Vargas C., Eveillard D., Gehlen M., Iudicone D., Lombard F., Ogata H., Stemmann L., Sullivan M.B., Sunagawa S., Wincker P., Chaffron S., Jaillon O. Ocean-wide comparisons of mesopelagic planktonic community structures. *ISME Commun.*, 3, 83 (2023).