

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、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】 理研及びウィーン大学との共同研究によるミミウイルスの宿主翻訳装置乗っ取りに関する研究を論文として投稿した(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をトランスクリプトーム解析で精査し論文として投稿した(陳婧潔)。

【ウイルス進化】 巨大ウイルスの種の起源に関する解析を進めた(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を論文として発表し、パンゲノム解析による形質進化の研究に展開している(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を論文として発表(木島壮一郎)。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に関する研究を論文として発表し、ウイルス及び宿主の範囲を拡大して研究を進めた(趙宏達)。巨大ウイルスのプロモータの解析を進めた(唐威)。糖鎖関連酵素に関する研究を開始した(孟令杰、張瑞軒)。真核生物 *Diphyllia rotans* の内在性ウイルスの解析(野澤朋仁)。

【微生物・ウイルス生態】 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を論文として発表した(方悦、孟令杰)。赤潮ウイルス HaV の微細多様性の解析をすすめた(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では琵琶湖に関するデータは論文として発表し(張利雯)、海洋中深層におけるデータ解析は論文執筆中(劉文文、長坂孔明)。海洋における細胞外リボソムの種組成分析に関する基礎研究を進めた(菊谷咲季)。湖沼における優占微生物ゲノムの超過変領域の解析(シャアナブ・ダニエル・シェンバガ)。

【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では論文を1報発表し、2報目を執筆中(楊青偉)。

【藻類進化】 パルマ藻と珪藻の比較ゲノム解析、地理分布解析を1報の論文として発表(伴広輝)、パルマ藻の生活環と地理分布の解析を進める(佐々木裕人)。

【バイオインフォマティクス解析】 KOfam の改善に向けた機械学習の応用を進展させた(余兆熙)。JAMSTEC の西村陽介氏と共同で比較ゲノム解析ツール DigAlign を開発し論文として発表した。ウイルスー宿主データベースの開発を継続した。

発表論文(謝辞あり)

1. Fang Y., Meng L., Xia J., Gotoh Y., Hayashi T., Nagasaki K., Endo H., Okazaki Y., Ogata H. Genome-resolved year-round dynamics reveal a broad range of giant virus microdiversity. *mSystems*, e0116824 (2024).
2. Yang Q., Yang Y., Xia J., Fukuda H., Okazaki Y., Nagata T., Ogata H., Endo H. Taxon-specific contributions of microeukaryotes to biological carbon pump in the Oyashio region. *ISME Commun.*, ycae136 (2024).
3. Zhang L., Meng L., Fang Y., Ogata H., Okazaki Y. Spatiotemporal dynamics revealed the dark water community of giant virus from a deep freshwater lake. *ISME J.*, wrae182 (2024).
4. Wu J., Meng L., Gaïa M., Okazaki Y., Hikida H., Ogata H. Gene transfer among viruses substantially contributes to gene gain of giant viruses. *Mol. Biol. Evol.* 41, msae161 (2024).
5. Kijima S., Hikida H., Delmont T.O., Gaïa M., Ogata H. Complex genomes of early nucleocytoviruses revealed by ancient origins of viral aminoacyl-tRNA synthetases. *Mol. Biol. Evol.* 41, msae149 (2024).
6. Zhao H., Meng L., Hikida H., Ogata H. Eukaryotic genomic data uncover an extensive host range of mirusviruses. *Curr. Biol.* 34, 2633-2643.e3 (2024).
7. Ban H., Endo H., The EukBank Team, Kuwata A., Ogata H. Global distribution and diversity of marine Parmales. *Microbes Environ.*, 39, ME23093 (2024).
8. Nishimura Y., Yamada K., Okazaki Y., Ogata H. DiGAlign: Versatile and Interactive Visualization of Sequence Alignment for Comparative Genomics. *Microbes Environ.*, 39, ME23061 (2024).

発表論文(謝辞なし)

該当なし。