

巨大 DNA ウイルスゲノムの解析
Genomics of giant DNA viruses

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

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て、巨大 DNA ウイルスゲノムおよびウイルスゲノムの解析・関連ツール開発を行うと同時に、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)メガウイルス科の多様性をメタゲノムデータに基づき定量的に行った(李岩沢他、論文執筆中)、(2)京都大学農学研究科との共同研究により、大阪湾および *Tara Oceans* メタゲノムデータを利用して、1300 のウイルスゲノムを決定し(西村陽介他、論文 2 本投稿中)、海洋ウイルスの局所的生産について知見を得た(論文執筆中)、(3)メガウイルス科の DNA 複製酵素遺伝子の解析を行った(ロマン・ブラン＝マチュー他)、(4)広島大学との共同で *Ralstonia* ファージのゲノム解析を行った(三原知子、吉川元貴他)、(5)メタゲノムデータ MGENES の整備を行った(五斗進、荒巻拓哉、山下将平他)、(6)ウイルスーホストデータベースを開発した(山本留美子、黒西愛他、論文受理)、(7)細胞性生物とウイルス遺伝子の多様性比較(隈部彰彦他)を行った。ウイルス関連以外の研究では、(8)エパクレオンの腸内細菌に対する影響の評価(西山拓輝、五斗進他)、(9)珪藻、パルマ叢のゲノム解析(ロマン・ブラン＝マチュー、五斗進他)、(10)ポリケチド合成酵素機能予測法の開発(清水祐吾他)を行った。

発表論文(謝辞あり)

1. Shimizu Y., Ogata H., Goto S. Type III polyketide synthases: functional classification and phylogenomics. **ChemBioChem**, 18, 50-65 (2017).
2. Blanc-Mathieu R., Ogata H. DNA repair genes in the Megavirales pangenome. **Curr. Opin. Microbiol.**, 31, 94-100 (2016).
3. Mihara T., Nasr-Eldin M.A., Chatchawankanphanich O., Bhunchoth A., Phironrit N., Kawasaki T., Nakano M., Fujie M., Ogata H., Yamada T. A *Ralstonia solanacearum* phage phiRP15 is closely related to Viunlikeviruses and encodes 19 tRNA-related sequences. **Virol. Rep.**, 6, 61-73 (2016).
4. Bhunchoth A., Blanc-Mathieu R., Mihara T., Nishimura Y., Askora A., Phironrit N., Leksomboon C., Chatchawankanphanich O., Kawasaki T., Nakano M., Fujie M., Ogata H., Yamada, Y. Asian jumbo phages, phiRSL2 and phiRSF1, infect *Ralstonia solanacearum* and show common features of phiKZ-related phages. **Virology**, 494, 56-66 (2016).
5. Mihara T., Nishimura Y., Shimizu Y., Nishiyama H., Yoshikawa G., Uehara H., Hingamp P., Goto S., Ogata H. Linking virus genomes with host taxonomy. **Viruses**, 8, 66 (2016).

発表論文(謝辞なし)

6. Roux S., Brum J.R., Dutilh B.E., Sunagawa S., Duhaime M.B., Loy A., Poulos B.T., Solonenko N., Lara E., Poulain J., Pesant S., Kandels-Lewis S., Dimier C., Picheral M., Searson S., Cruaud C., Alberti A., Duarte C.M., Gasol J.M., Vaque D.; Tara Oceans Coordinators, Bork P., Acinas S.G., Wincker P., Sullivan M.B. Ecogenomics and potential biogeochemical impacts of globally abundant ocean viruses. **Nature**, 537, 689-693 (2016).
7. Forster D., Dunthorn M., Mahe F., Dolan J.R., Audic S., Bass D., Bittner L., Boutte C., Christen R., Claverie J.-M., Decelle J., Edvardsen B., Egge E., Eikrem W., Gobet A., Kooistra W.H.C.F., Logares R., Massana R., Montresor M., Not F., Ogata H., Pawlowski J., Pernice M.C., Romac S., Shalchian-Tabrizi K., Simon N., Richards T.A., Santini S., Sarno D., Siano R., Vaulot D., Wincker P., Zingone A., de Vargas C., Stoeck T. Benthic protists: the under-charted majority. **FEMS Microbiol Ecol.**, 92, fiw120 (2016).
8. Guidi L., Chaffron S., Bittner L., Eveillard D., Larhlimi A., Roux S., Darzi Y., Audic S., Berline L., Brum J., Coelho L.P., Espinoza J.C., Malviya S., Sunagawa S., Dimier C., Kandels-Lewis S., Picheral M., Poulain J., Searson S.; Tara Oceans Consortium Coordinators, Stemmann L., Not F., Hingamp P., Speich S., Follows M., Karp-Boss L., Boss E., Ogata H., Pesant S., Weissenbach J., Wincker P., Acinas S.G., Bork P., de Vargas C., Iudicone D., Sullivan M.B., Raes J., Karsenti E., Bowler C., Gorsky G. Plankton networks driving carbon export in the oligotrophic ocean. **Nature**, 532, 465-470 (2016).