

ゲノム情報を用いた微生物・ウイルスの生態と進化の研究

Research on ecology and evolution of microorganisms and viruses using genomic information

国立研究開発法人 海洋研究開発機構 海洋機能利用部門 生命理工学センター
西村 陽介

研究成果概要

昨年度に引き続き、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メタゲノム・ゲノムデータを活用した微生物・ウイルスの生態と進化の研究を行った。

プラスミドの自己複製能に必須の遺伝子 rep がコードするタンパク質 RIP の進化系統を分類し、その中で最大のグループである WH ドメインを持つ RIP の網羅的な系統解析を世界で初めて報告し、プラスミドの進化と、宿主の系統や生息環境、抗生物質耐性遺伝子や代謝遺伝子など保有する遺伝子の関係を明らかにした[1, 4]。

また、大規模メタゲノムデータを活用し、海洋に存在する巨大ウイルスの生態学的解析を実施した。深海に局在する巨大ウイルスゲノムを同定し、その遺伝子内容を解析した結果、深海特有の環境条件に適応するために遺伝子レパートリーが独自に進化している可能性が示された[2]。さらに、ロドプシン遺伝子の進化とロドプシンを保有する微生物の生態に関する研究を行った[3]。

発表論文(謝辞あり)

1. Yosuke Nishimura, (12 名省略), Haruo Suzuki, Masato Suzuki, Masaki Shintani. 2025. 'A large-scale phylogeny of replication initiation proteins illuminates plasmid macroevolutionary landscape' *bioRxiv* 2024.09.03.610885 doi:10.1101/2024.09.03.610885
2. Wenwen Liu, (8 名省略), Yosuke Nishimura, Hisashi Endo, Yusuke Okazaki, Hiroyuki Ogata. 2025. 'Giant viruses specific to deep oceans show persistent presence and activity' *mSystems* 10:e00932-25 doi: 10.1128/msystems.00932-25

発表論文(謝辞なし)

3. Takayoshi Fujiwara, Toshiaki Hosaka, Masumi Hasegawa-Takano, Yosuke Nishimura, (10 名省略), Susumu Yoshizawa. 2025. 'Carotenoids bind rhodopsins and act as photocycle-accelerating pigments in marine *Bacteroidota*' *Nat. Microbiol.* 10:2603-2615. doi: 10.1038/s41564-025-02109-1
4. Masato Suzuki, Haruo Suzuki, Yosuke Nishimura, Hideaki Nojiri, Masaki Shintani. 2025. 'Enhancing plasmid typing with MOB-typer: resolving IncP and other incompatibility group misclassifications in *Pseudomonas*' *Microbial Genomics*. 11:001491 doi: 10.1099/mgen.0.001491