

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。

- アンプリコンシーケンスを用いた海洋植物プランクトン群集の生物地理に関する研究。
- 海洋メタゲノムデータを用いた藻類及びウイルス群集動態の解析。
- 微生物・ウイルス群集の動態解析、および環境パラメータとの相関解析。
- 海洋および塩水湖から単離した原生生物の全ゲノム解析。
- 藻類単離培養株のメタトランスクリプトーム解析。

発表論文(謝辞あり)

1. Proding F, Endo H, Takano Y, Li Y, Tominaga K, Isozaki T, Blanc-Mathieu R, Gotoh Y, Tetsuya H, Taniguchi E, Nagasaki K, Yoshida T, and Ogata H. Year-round dynamics of amplicon sequence variant communities differ among eukaryotes, Imitevirales, and prokaryotes in a coastal ecosystem. *FEMS Microbiol. Ecol.* (2021) doi.org/10.1093/femsec/fiab167
2. Zhang R, Endo H, Takemura M, and Ogata H. RNA-seq of the medusavirus suggests remodeling of the host nuclear environment at an early infection stage. *Microbiol. Spectr.* (2021) doi.org/10.1128/Spectrum.00064-21
3. Kijima S, Delmont T.O, Miyazaki U, Gaia M, Endo H, and Ogata H. Discovery of viral myosin genes with complex evolutionary history within plankton. *Front. Microbiol.* (2021) doi.org/10.3389/fmicb.2021.683294
4. Meng L, Endo H, Blanc-Mathieu R, Hernández-Velázquez R, Kaneko H, and Ogata H. Quantitative assessment of NCLDV-host interactions predicted by co-occurrence analyses. *mSphere*, (2021) doi.org/10.1128/mSphere.01298-20
5. Yoshida K, Zhang R, Garcia K, Endo H, Gotoh Y, Hayashi T, Takemura M, and Ogata H. Draft Genome Sequence of Medusavirus stheno, a new member of “Medusaviridae” Isolated from the Tatakai River of Uji, Japan. *Microbiol. Resour. Announc.* (2021) doi.org/10.1128/MRA.01323-20