

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。

具体的には下記を実施した。

(1) 東京理科大との共同研究によるメドゥーサウイルス・メドゥーサのトランスクリプトーム解析(張瑞軒)、メドゥーサウイルス・ステンノのヒストンタンパク質の解析、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)、ヴァイロファージ・ミミウイルス感染系の解析(疋田弘之、陳婧潔、一部東京大学及び東京工業大学との共同研究)、理化学研究所との共同研究によるミミウイルスのリボソームプロファイリング解析(張瑞軒)など、巨大ウイルスのゲノム、感染戦略に関する研究を行った。(2) 京都大学農学研究科、高知大学との共同研究による、メガウイルス科ウイルスの多様性及び生物地理・環境動態の解析(Florian Prodingier、夏駿、方悦、遠藤寿)、北極圏における真核生物と巨大ウイルスの生物地理(遠藤寿、夏駿)、琵琶湖における巨大ウイルスの多様性(張利雯、井出詩菜、岡崎友輔)、巨大ウイルスの進化解析(呉君毅)、巨大ウイルスの宿主予測(孟令杰)、仏国 CNRS Tom Delmont、CEA Morgan Gaia との共同で巨大ウイルス環境ゲノム中の新規系統群探索(孟令杰)、巨大ウイルス由来のミオシン遺伝子の系統解析(木島壮一郎)、巨大ウイルスの環境適応(孟令杰)、親潮域海洋炭素ポンプの解析(楊青偉)、深海における巨大ウイルスの転写活性(劉文文)、(3) ウィルスー宿主データベースの開発(朱夢迪)、(4) 珪藻、パルマ叢のゲノム解析(伴広輝)・メタトランスクリプトーム解析(時繼宇)、(5) 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)、(6) 腸内プロファージの機能(橋本謙太郎)、(7) VIPTree の改良(山田航平)などを行った。

発表論文(謝辞あり)

- 1) Meng L., Endo H., Blanc-Mathieu R., Hernández-Velázquez R., Kaneko H., Ogata H. Quantitative assessment of NCLDV–host interactions predicted by co-occurrence analyses. *mSphere*, 6, e01298-20 (2021).
- 2) Kijima S., Delmont T.O., Miyazaki U., Gaia M., Endo H., Ogata H. Discovery of viral myosin genes with complex evolutionary history within plankton. *Front. Microbiol.* 12, 683294 doi: 10.3389/fmicb.2021.683294 (2021).
- 3) Prodingier F., Endo H., Takano Y., Li Y., Tominaga K., Isozaki T., Blanc-Mathieu R.,

- Gotoh Y., Hayashi T., Taniguchi E., Nagasaki K., Yoshida Y., Ogata H. Year-round dynamics of amplicon sequence variant communities differ among eukaryotes, Imitervirales, and prokaryotes in a coastal ecosystem. *FEMS Microbiol. Ecol.* doi: 10.1093/femsec/fiab167 (2021).
- 4) Da Cunha V., Gaia M., Ogata H., Jaillon O., Delmont T.O., Forterre P. Giant viruses encode novel types of actins possibly related to the origin of eukaryotic actin: the viractins. *Mol. Biol. Evol.* (2022) – accepted
 - 5) Xia J., Kameyama ., Proding F., Cho K-H., Jung J., Yang E-J., Ogata H., Endo H. Tight association between microbial eukaryote and Imitervirales communities in the Pacific Arctic Ocean. *bioRxiv*, doi: <https://doi.org/10.1101/2021.09.02.458798> (2021).
 - 6) Morgan Gaia, Meng L., Pelletier E., Forterre P., Vanni C., Fernandez-Guerra A., Jaillon O., Wincker P., Ogata H., Delmont T.O. Discovery of a class of giant virus relatives displaying unusual functional traits and prevalent within plankton: the Mirusviricetes. *bioRxiv*, doi: <https://doi.org/10.1101/2021.12.27.474232> (2021).

発表論文(謝辞なし)

- 1) Yoshikawa G., Miyazaki K., Ogata H., Miyazaki M. The evolution of Rag gene enhancers and transcription factor E and Id proteins in the adaptive immune system. *Int. J. Mol. Sci.* 22, 5888 (2021).
- 2) Ogawa S., Shimidzu H., Fukuda K., Tsunekawa N., Hirano T., Sato F., Yura K., Hasunuma T., Ochi K., Yamamoto M., Sakamoto W., Hashimoto K., Ogata H., Kanao T., Nemoto M., Inagaki K., Tamura T. Multiple mutations in RNA polymerase beta-subunit gene (rpoB) in *Streptomyces incarnatus* NRRL8089 enhance production of antiviral antibiotic sinefungin: modeling rif cluster region by density functional theory. *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 85, 1275-1282 (2021).
- 3) Sakurai T., De Velasco M.A., Sakai K., Nagai T., Nishiyama H., Hashimoto K., Uemura H., Kawakami H., Nakagawa K., Ogata H., Nishio K., Kudo M. Integrative analysis of gut microbiome and host transcriptomes reveals associations between treatment outcomes and immunotherapy-induced colitis. *Mol. Oncol.* (2021).
- 4) Sandaa R.-A., Saltvedt M.R., Dahle H., Wang H., Våge S., Blanc-Mathieu R., Steen I.H., Grimsley N., Edvardsen B., Ogata H., Lawrence J. Adaptive evolution of viruses infecting marine microalgae (haptophytes), from acute infections to stable coexistence. *Biol. Rev. Camb. Philos. Soc.*, 97, 179-194 (2021).