

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 4 年 6 月 26 日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究(B)（一般）

研究期間：2018～2021

課題番号：18H02279

研究課題名（和文）巨大ウイルスが水圏低次生態系で果たす役割の包括的解明

研究課題名（英文）Comprehensive understanding of the role of giant viruses in the aquatic microbial ecosystem

研究代表者

緒方 博之（Ogata, Hiroyuki）

京都大学・化学研究所・教授

研究者番号：70291432

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,400,000円

研究成果の概要（和文）：Tara Oceansの大規模メタゲノムデータを利用して、巨大ウイルスの全球規模の生物地理を明らかにした。これにより、北極圏で固有種が多いこと、生物沈降に巨大ウイルスが関与している可能性が示唆された。後者を受け、生物炭素ポンプ効率をウイルス組成に基づき予測することに成功した。日本沿岸域においても多様な環境から試料を採取し巨大ウイルスの分布を調査し、巨大ウイルスの長距離にわたる拡散が推定された。沿岸域における時系列解析においては、真核生物と巨大ウイルス群集が密接に相関していること、両者とも四季変動を示すことを明らかにした。新規ウイルスの分離とそのゲノム解析にも成功した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

巨大ウイルス（NCLDV、Nucleocytoviricota門）が、物質循環に重要な役割を果たしている様相について理解が一つ深まった。特に、生物炭素ポンプの効率に巨大ウイルスが関与している可能性を統計的に示唆できたことは大きい。生物地理に関しても多くの知見を得られた。大域的には宿主の分布が巨大ウイルスの分布を決定し、局所的には巨大ウイルスによる感染が宿主の群集構造に影響を及ぼしている可能性が見出された。また、アクチンやミオシンなど真核生物固有と考えられていた遺伝子が、進化の初期段階で巨大ウイルスと遺伝子水平伝播を介して遺伝子のやり取りをしていたことが推定された。

研究成果の概要（英文）：We performed bioinformatics analyses on the biogeography of giant viruses of the phylum of Nucleocytoviricota based on the large metagenomic data produced by Tara Oceans. This analysis suggested a vertical transport of giant viruses at high productivity areas. Prompted by this observation, we have successfully built a regression model to predict the efficiency of the biological carbon pump based on the species compositions of viruses in the sea. At some Japanese coastal areas, we characterized the community of giant viruses (of the group of Imitervirales), which revealed long-distance dispersal of these viruses. In Uranouchi Inlet, Kochi, we performed sampling to generate a time series data for the community structures of Imitervirales, eukaryotes and bacteria. All of these microbe groups showed seasonal cycles, indicating tight interactions between these microbes. Finally, we also successfully isolated six viruses from samples collected in Kyoto.

研究分野：微生物生態学、微生物進化学、バイオインフォマティクス

キーワード：海洋ウイルス 巨大ウイルス 生物地理 多様性 水圏低次生態系 Tara Oceans

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

## 1. 研究開始当初の背景

巨大ウイルスは、単細胞真核生物(原生生物)を宿主とする大型ウイルスで、ヌクレオサイトビリコータ門(核細胞質性大型 DNA ウイルス、NCLDV)に属し、細胞性生物に匹敵する程の粒子径と複雑なゲノムを保持する。ウイルスであるにも関わらず翻訳系遺伝子を保持し、特殊な獲得免疫機構をが示唆されるなど、従来のウイルス学の常識を覆す多くの性質を巨大ウイルスは示し、生物学・進化学・生態学の広い分野で注目されている。環境メタゲノム解析による研究からは、海洋を含む水圏に巨大ウイルス群が遍在することもすでに明らかになってきていた。しかし、巨大ウイルスの多様性、地理分布、微生物群集動態や生態系への影響に関しては未解明な部分が多く、水圏の低次生態系構造の全体像を解明する上で、巨大ウイルスの多様性と生態学的機能を解明することは極めて重要な課題として残されていた。本研究では、申請者が独自開発した縮重プライマーによる巨大ウイルス検出法、国際共同研究による大規模海洋メタゲノムデータ、日本沿岸域・北極海域における独自の観測、アメーバを利用した新規ウイルス分離等を介して、この課題に挑んだ。

## 2. 研究の目的

本研究では、時空間の両軸に沿って巨大ウイルスゲノムを解析し、これまでにない規模でその地理分布・宿主範囲・遺伝子機能に関する包括的知見を獲得することを目的とした。これにより、巨大ウイルスの水圏における生態学的存在意義、ひいてはその存在の地球環境への影響の理解が深化すると考えた。

## 3. 研究の方法

本研究は以下の4つのテーマに分けて進めた。

- (1) 物質循環：海洋における巨大ウイルスと物質循環・環境変動との関係の解明。
- (2) 赤潮動態：赤潮発生後の従属真核微生物相の遷移と巨大ウイルスの関係の解明。
- (3) 新規探索：多様な水圏における巨大ウイルスの多様性調査と新規株の分離培養。
- (4) ゲノミクス：宿主・ウイルス同時分取技術、培養株ゲノミクスによるゲノム解析。

物質循環に関しては、国際共同研究 Tara Oceans で産出された大規模メタゲノムデータのバイオインフォマティクス解析により進めた。赤潮動態に関しては、高知県浦ノ内湾で独自に採取した時系列試料から、メガプライマー法により巨大ウイルス及び微生物の群集構造解析を行った。新規探索に関しては、アカントアメーバを宿主として利用し、京都府南部の水系から新規巨大ウイルスの分離培養を行った。また、日本沿岸域から採取した試料に基づき、巨大ウイルスの多様性解析を行った。ゲノミクスに関しては、共同研究により、巨大ウイルスゲノムの解析に協力するとともに、独自に新規分離培養した巨大ウイルスのゲノム解析も行った。

## 4. 研究成果

### (1) 物質循環

国際共同研究 Tara Oceans 由来の全球規模の海洋メタゲノムデータから、巨大ウイルス(NCLDV、ヌクレオサイトビリコータ門)の地理分布を解析した(Endo et al., 2020)。地理分布の解析には、巨大ウイルスに関しては DNA ポリメラーゼ B を、真核生物に関しては 18S rDNA V4 領域をマーカーとした。NCLDV の中では、イミテルピラレス目及びフィコドゥナウイルス科のウイルスが広範囲かつ高頻度に分布していることを明らかにした。特に、北極海で NCLDV の系統固有性が高いことが示され、極域と中緯度・低緯度領域の間で生物相が大きく異なることとの関連性が示唆された。また、偏マンテルテストにより、巨大ウイルスの科レベルの分類群が、真核生物の様々な系統群の強い分布相関を示すことを明らかにし、海洋における巨大ウイルスと真核生物の相互作用の多様性が、これまで考えられていた以上に高いことが示唆された。さらに、特定の海域(例えば、表層 Chl a 濃度が高く表層における生産性が高い海域)において、巨大ウイルスの群集組成が表層と中深層で類似している傾向を明らかにした。このことは、こうした海域で、NCLDV の沈降が起こっている可能性を示している。この最後の結果は、巨大ウイルスが生物炭素ポンプに影響を及ぼしていることを示唆するものであり、この成果を受け、後続研究において、巨大ウイルスも含む多様なウイルスの系統地理分布に基づく生物炭素ポンプ効率の予測可能性の検証を行った。具体的には、偏最小二乗回帰分析を用いて、生物炭素ポンプ効率を、巨大ウイルス、ssDNA ウイルス、RNA ウイルスの群集組成から予測可能であること明らかにできた(Kaneko et al., 2021)。これまで、ウイルスが生物炭素ポンプに寄与する可能性が特定の局所的海域におけ

る観察や実験室における実験研究により提示されてきたが、本研究は、こうした生態学的過程が全球規模に亘り起こっていることを強く示唆している。

## (2) 赤潮動態

巨大ウイルスの環境動態を研究するために、先行研究（基盤 C、2014-2016 年度）で開発したアンプリコン解析法（「メガプライマー法」）の最適化を行い論文として発表した（Proding et al., 2020）。高知県浦ノ内湾で1年半に及ぶ長期観測を行い、真核微生物、真核微生物に感染する巨大ウイルス（イミテルウイルス目）原核生物の群集遷移解析を行った。巨大ウイルスの群集解析は上記の改良メガプライマー法を使用した。まず、全ての微生物・ウイルス群集が四季による季節変動を示すことを明らかにした。特に、イミテルウイルス目の群集構造が季節変動を示すことは本研究で初めて明らかになった。また、群集変動速度が群集により異なることが示された。具体的にはウイルスが最も速く、次に真核微生物であり、原核生物の群集変動速度は最も低かった。これは、微生物群集を構成する種のニッチ幅が、微生物群集ごとに異なることに由来すると考えられた。例えば、ウイルスの出現は真核生物の出現に依存するが、同一の真核微生物に感染するウイルスがその時々で増加したり、しなかったりすることが、ウイルスの群集変異速度が高くなる理由と考えられた（Proding et al. 2022）。また、同様の解析を、時系列ではなく、局域（北極海）で同時期（夏季）に行った解析でも、真核微生物群集と巨大ウイルス群集に強い相関が得られた（Xia et al. 2022）。

上述の Endo et al. 2020 の結果と合わせ下記のことが言える。巨大ウイルスと真核生物群集は、大域的にも、時系列的にも、さらに局所的にも強い相関の基に変動しているのである。つまり、大域的時空間軸に沿っては、環境が宿主群集組成を決定し、宿主群集組成がそこに存在する巨大ウイルスの群集組成を決定する。局所的には、巨大ウイルスの感染溶解により、巨大ウイルスの組成が宿主群集組成に影響を及ぼすのである。

これらの結果に基づき、頻度分布から巨大ウイルスと真核微生物宿主の関係を予測する方法を新たに考案し定量的な評価を行った。その結果、共起分析解析と新たに導入された TIM 法により、真核生物と巨大ウイルスの地理分布から、ある程度の精度（ランダムな予測よりも良い精度）で宿主予測が可能であることを証明することが（Meng et al., 2021）。

## (3) 新規探索

先行研究（基盤 C、2014-2016 年度）で開発した高度縮退プライマーセット（メガプライマー）を利用し、巨大ウイルス（メガウイルス科）の多様性を、大阪湾・日本海・石垣島マングローブ域・白浜御幸温泉など多様な水圏サンプルを解析した。これにより、1 サンプル中に、数百以上のメガウイルス種を含有していることを明らかにし、同時に、メガウイルス科ウイルスが地球規模で拡散している証拠を得た（Li et al., 2018; Microbes and Environments, 2019）。

巨大ウイルスの新規単離に関しては、アメーバを宿主として、メドゥーサウイルス科ウイルス 1 株（メドゥーサウイルス・ステノ、Yoshida et al., 2021）、マルセイユウイルス科ウイルス 6 株を新規分離した（投稿予定）。メドゥーサウイルス・ステノは先行研究で分離されたメドゥーサウイルス・メドゥーサの近縁種であり、両ウイルスのゲノムは高い類似性（平均ヌクレオチド一致度 80%）であるが、ヒストン遺伝子の構造に相違があるなど、興味深いゲノム上の特徴を呈していた。

## (4) ゲノミクス：宿主・ウイルス同時分取技術、培養株ゲノミクスによるゲノム解析。

ウイルスゲノムの解析として東京理科大武村政春らが分離したメドゥーサウイルス・メドゥーサのゲノム解析を進め、新しい科であるメドゥーサウイルス科を提唱した（Yoshikawa et al., 2019）。また、ノルウェーのベルゲン大学の研究者と共同で、プリムネシウム目に属するハプト藻に持続感染する巨大ウイルス PkV-RF01 のゲノム解析を行った。興味深いことに、エネルギー代謝に関わる遺伝子を多数保持しており、持続感染を行うというこのウイルスの特徴的な表現型との関連が示唆された（Blanc-Mathieu, 2021）。上述の新規分離したウイルス 7 株についてもゲノム解析を行い（Yoshida et al., 2021）、ゲノム組換えの解析を行った（投稿予定）。巨大ウイルスの遺伝子進化に関しても、真核微生物の初期進化過程で、細胞内骨格・細胞内輸送に関わる遺伝子をウイルスと生物で相互に水平伝播している様相を確認した。一つはウイルス固有のアクチン遺伝子（Da Cunha et al., 2022）、もう一つはウイルス固有のミオシン遺伝子（Kijima et al., 2021）である。また、本研究によりゲノム解析を行ったメドゥーサウイルスに関してトランスクリプトーム解析を実施した。感染初期に、核内にウイルス由来タンパク質を輸送し、核のリモデリングが行われる可能性を支持する結果を得た（Zhang et al., 2021）。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計16件（うち査読付論文 16件 / うち国際共著 10件 / うちオープンアクセス 9件）

1. 著者名 Aramaki Takuya, Blanc-Mathieu Romain, Endo Hisashi, Ohkubo Koichi, Kanehisa Minoru, Goto Susumu, Ogata Hiroyuki	4. 巻 36
2. 論文標題 KofamKOALA: KEGG ortholog assignment based on profile HMM and adaptive score threshold	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Bioinformatics	6. 最初と最後の頁 2251 ~ 2252
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/bioinformatics/btz859	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Castillo Yaiza M., Mangot Jean Francois, Benites Luiz Felipe, Logares Ramiro, Kuronishi Megumi, Ogata Hiroyuki, Jaillon Olivier, Massana Ramon, Sebastião Marta, Vaqueiro Dolores	4. 巻 28
2. 論文標題 Assessing the viral content of uncultured picoeukaryotes in the global ocean by single cell genomics	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Molecular Ecology	6. 最初と最後の頁 4272 ~ 4289
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/mec.15210	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Li Yanze, Endo Hisashi, Gotoh Yasuhiro, Watai Hiroyasu, Ogawa Nana, Blanc-Mathieu Romain, Yoshida Takashi, Ogata Hiroyuki	4. 巻 34
2. 論文標題 The Earth Is Small for "Leviathans": Long Distance Dispersal of Giant Viruses across Aquatic Environments	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	6. 最初と最後の頁 334 ~ 339
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1264/jsme2.ME19037	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Li Yanze, Hingamp Pascal, Watai Hiroyasu, Endo Hisashi, Yoshida Takashi, Ogata Hiroyuki	4. 巻 10
2. 論文標題 Degenerate PCR Primers to Reveal the Diversity of Giant Viruses in Coastal Waters	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Viruses	6. 最初と最後の頁 496 ~ 496
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/v10090496	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Yoshikawa Genki, Blanc-Mathieu Romain, Song Chihong, Kayama Yoko, Mochizuki Tomohiro, Murata Kazuyoshi, Ogata Hiroyuki, Takemura Masaharu	4. 巻 93
2. 論文標題 Medusavirus, a Novel Large DNA Virus Discovered from Hot Spring Water	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Journal of Virology	6. 最初と最後の頁 e02130-18
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/JVI.02130-18	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Prodinger Florian, Endo Hisashi, Gotoh Yasuhiro, Li Yanze, Morimoto Daichi, Omae Kimiho, Tominaga Kento, Blanc-Mathieu Romain, Takano Yoshihito, Hayashi Tetsuya, Nagasaki Keizo, Yoshida Takashi, Ogata Hiroyuki	4. 巻 8
2. 論文標題 An Optimized Metabarcoding Method for Mimiviridae	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Microorganisms	6. 最初と最後の頁 506 ~ 506
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/microorganisms8040506	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Prodinger Florian, Endo Hisashi, Takano Yoshihito, Li Yanze, Tominaga Kento, Isozaki Tatsuhiro, Blanc-Mathieu Romain, Gotoh Yasuhiro, Hayashi Tetsuya, Taniguchi Etsunori, Nagasaki Keizo, Yoshida Takashi, Ogata Hiroyuki	4. 巻 97
2. 論文標題 Year-round dynamics of amplicon sequence variant communities differ among eukaryotes, <i>Imitervirales</i> and prokaryotes in a coastal ecosystem	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 FEMS Microbiology Ecology	6. 最初と最後の頁 fiab167
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/femsec/fiab167	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Endo Hisashi, Blanc-Mathieu Romain, Li Yanze, Salazar Guillem, Henry Nicolas, Labadie Karine, de Vargas Colombar, Sullivan Matthew B., Bowler Chris, Wincker Patrick, Karp-Boss Lee, Sunagawa Shinichi, Ogata Hiroyuki	4. 巻 4
2. 論文標題 Biogeography of marine giant viruses reveals their interplay with eukaryotes and ecological functions	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Nature Ecology & Evolution	6. 最初と最後の頁 1639 ~ 1649
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41559-020-01288-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Yoshida Koki, Zhang Ruixuan, Garcia Kimberly G., Endo Hisashi, Gotoh Yasuhiro, Hayashi Tetsuya, Takemura Masaharu, Ogata Hiroyuki	4. 巻 10
2. 論文標題 Draft Genome Sequence of Medusavirus Stheno, Isolated from the Tatakai River of Uji, Japan	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 e01323-20
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/MRA.01323-20	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Kaneko Hiroto, Blanc-Mathieu Romain, Endo Hisashi, Chaffron Samuel, Delmont Tom O., Gaia Morgan, Henry Nicolas, Hernandez-Velazquez Rodrigo, Nguyen Canh Hao, Mamitsuka Hiroshi, Forterre Patrick, Jaillon Olivier, de Vargas Colombar, Sullivan Matthew B., Suttle Curtis A., Guidi Lionel, Ogata Hiroyuki	4. 巻 24
2. 論文標題 Eukaryotic virus composition can predict the efficiency of carbon export in the global ocean	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 iScience	6. 最初と最後の頁 102002 ~ 102002
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.isci.2020.102002	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Blanc-Mathieu Romain, Dahle Hakon, Hofgaard Antje, Brandt David, Ban Hiroki, Kalinowski Jörn, Ogata Hiroyuki, Sandaa Ruth-Anne	4. 巻 95
2. 論文標題 A Persistent Giant Algal Virus, with a Unique Morphology, Encodes an Unprecedented Number of Genes Involved in Energy Metabolism	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Journal of Virology	6. 最初と最後の頁 e02446-20
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/JVI.02446-20	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Meng Lingjie, Endo Hisashi, Blanc-Mathieu Romain, Chaffron Samuel, Hernandez-Velazquez Rodrigo, Kaneko Hiroto, Ogata Hiroyuki	4. 巻 6
2. 論文標題 Quantitative Assessment of Nucleocytoplasmic Large DNA Virus and Host Interactions Predicted by Co-occurrence Analyses	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 mSphere	6. 最初と最後の頁 e01298-20
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/mSphere.01298-20	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Kijima Soichiro, Delmont Tom O., Miyazaki Urara, Gaia Morgan, Endo Hisashi, Ogata Hiroyuki	4. 巻 12
2. 論文標題 Discovery of Viral Myosin Genes With Complex Evolutionary History Within Plankton	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Frontiers in Microbiology	6. 最初と最後の頁 683294
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fmicb.2021.683294	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Zhang Ruixuan, Endo Hisashi, Takemura Masaharu, Ogata Hiroyuki	4. 巻 9
2. 論文標題 RNA Sequencing of Medusavirus Suggests Remodeling of the Host Nuclear Environment at an Early Infection Stage	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Microbiology Spectrum	6. 最初と最後の頁 e0006421
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/Spectrum.00064-21	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Da Cunha Violette, Gaia Morgan, Ogata Hiroyuki, Jaillon Olivier, Delmont Tom O, Forterre Patrick	4. 巻 39
2. 論文標題 Giant Viruses Encode Actin-Related Proteins	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Molecular Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 msac022
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/molbev/msac022	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Xia Jun, Kameyama Sohiko, Prodinge Florian, Yoshida Takashi, Cho Kyoung Ho, Jung Jinyoung, Kang Sung Ho, Yang Eun Jin, Ogata Hiroyuki, Endo Hisashi	4. 巻 -
2. 論文標題 Tight association between microbial eukaryote and giant virus communities in the Arctic Ocean	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Limnology and Oceanography	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/lno.12086	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計40件（うち招待講演 10件 / うち国際学会 15件）

1. 発表者名 Ogata H., Blanc-Mathieu R., Kaneko H., Endo H.
2. 発表標題 Global genetic data reveal lineages of giant viruses and other eukaryotic viruses associated with the carbon export efficiency.
3. 学会等名 4th Ringberg Symposium on Giant Virus Biology (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 宮崎うらら, Delmont T., 遠藤 寿., Blanc-Mathieu R., 緒方博之.
2. 発表標題 海洋巨大ウイルスにおける新規補助代謝遺伝子の探索.
3. 学会等名 環境ウイルス研究集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Meng L., Endo H., Blanc-Mathieu R., Ogata H.
2. 発表標題 NCLDV host prediction with marker gene co-occurrence analysis in marine metagenomes.
3. 学会等名 環境ウイルス研究集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 吉田亘騎, 武村政春, 遠藤 寿., Blanc-Mathieu R., 緒方博之.
2. 発表標題 京都府南部水系からの新規マルセイユウイルス株の分離と今後の比較ゲノム解析.
3. 学会等名 環境ウイルス研究集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Prodinge F., Endo H., Takano Y., Li Y., Tominaga K., Isozaki T., Blanc-Mathieu R., Gotoh Y., Nagasaki Keizo., Yoshida T., Ogata H.
2. 発表標題 Exploring community changes of bloom forming eukaryotic phytoplankton and Megaviridae in Uranouchi Inlet, Japan.
3. 学会等名 環境ウイルス研究集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 富永賢人, 山本圭吾, 緒方博之, 左子芳彦, 吉田天士.
2. 発表標題 大阪湾での経時的動態観測で探る海洋微生物-ウイルス群集相互作用.
3. 学会等名 環境ウイルス研究集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 金子博人, Blanc-Mathieu R., 遠藤寿, 緒方博之.
2. 発表標題 真核生物プランクトンに感染するウイルスと沈降粒子による炭素輸送の効率との地球規模での関連.
3. 学会等名 環境ウイルス研究集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Endo H., Li Y., Blanc-Mathieu R., Ogata H.
2. 発表標題 Global biogeography of giant viruses highlights their interplay with eukaryotic community.
3. 学会等名 日本海洋学会2019年秋季大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kaneko H., Blanc-Mathieu R., Endo H., Ogata H.
2. 発表標題 The abundance profile of eukaryotic plankton viruses could predict global ocean carbon export efficiency.
3. 学会等名 第8回 生命医薬情報連合大会(IIBMP)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 岡崎友輔, 西村陽介, 吉田天士, 緒方博之, 中野伸一
2. 発表標題 メタゲノム解析でひも解く淡水湖のファージの多様性と生態.
3. 学会等名 日本微生物生態学会 第33回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Blanc-Mathieu R., Dahle H., Ogata H., Sandaa R.-H.
2. 発表標題 A persistent algal virus with an unprecedented amount of metabolic genes.
3. 学会等名 日本微生物生態学会 第33回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Prodinger F., Endo H., Li Y., Tominaga K., Isozaki T., Gotoh Y., Yoshida T., Ogata H.
2. 発表標題 Linking seasonal dynamics of Megaviridae and bloom forming eukaryotic phytoplankton in Uranouchi inlet, Japan.
3. 学会等名 日本微生物生態学会 第33回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Ogata H.
2. 発表標題 Eukaryotic giant viruses: update on their evolution, diversity and ecology.
3. 学会等名 ELSI Thermophiles seminar - Microbes from the Hadean Hell (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Ogata H.
2. 発表標題 Prediction of viruses enhancing the biological carbon pump.
3. 学会等名 Neo-Virology Informatics Workshop (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kaneko H., Blanc-Mathieu R., Endo H., Ogata H.
2. 発表標題 Analysis of Tara Oceans omics data reveals eukaryotic plankton viruses related to carbon export flux and efficiency.
3. 学会等名 19th Annual International Workshop on Bioinformatics and Systems Biology (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Prodinger F., Endo H., Li Y., Tominaga K., Tatsuhiro I., Gotoh Y., Yoshida T., Ogata H.
2. 発表標題 Seasonal dynamics of a proposed group of giant viruses and bloom forming eukaryotic phytoplankton.
3. 学会等名 19th Annual International Workshop on Bioinformatics and Systems Biology (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Ogata H.
2. 発表標題 Do viruses enhance the carbon export down to the deep ocean?
3. 学会等名 Gordon Research Conference - Applied and Environmental Microbiology: Shaping the Earth's Microverse (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 緒方博之
2. 発表標題 地球規模海洋オミクスデータに基づく巨大ウイルスと生物炭素ポンプの関係の解明
3. 学会等名 第2回感染症診断と治療におけるゲノム解析 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 遠藤寿
2. 発表標題 大規模観測とメタゲノム解析による海洋微生物の多様性研究
3. 学会等名 メタオミクスワークショップ in 京都 2019 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kaneko H., Blanc-Mathieu R., Endo H., Ogata H.
2. 発表標題 Regression analysis using global ocean metagenomes revealed the contribution of eukaryotic viruses to carbon export.
3. 学会等名 Workshop on Environmental Viruses
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 吉川元貴, Blanc-Mathieu R., 望月智弘, Chihong Song, 村田和義, 緒方博之, 武村政春
2. 発表標題 アカントアメーバに感染する新規ウイルスMedusavirus のゲノム解析.
3. 学会等名 環境ウイルス研究集会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Ogata H., Yoshikawa G., Chihong S., Blanc-Mathieu R., Mochizuki T., Murata K., Takemura M.
2. 発表標題 A giant virus from a freshwater environment with a full set of histone genes. 9th Aquatic Virus Workshop
3. 学会等名 9th Aquatic Virus Workshop (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Sandaa R.-A., Lawrence J., Blanc-Mathieu R., Dahle H., Steen I.H., Ogata H.
2. 発表標題 Diversity of marine prymnesioviruses and their strategies for stable co-existence with their phytoplankton hosts.
3. 学会等名 EMBO Workshop Viruses of Microbes 2018 (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Blanc-Mathieu R., Kaneko H., Velazquez R.H., Endo H., Ogata H.
2. 発表標題 Viruses of the eukaryotic plankton: insight into their diversity, host range and role in carbon export
3. 学会等名 JSME annual meeting & 10th ASME
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Blanc-Mathieu R., Kaneko H., Velazquez R.H., Endo H., Ogata H.
2. 発表標題 Eukaryotic viruses in Tara Oceans samples: Insight into their diversity and role in carbon export.
3. 学会等名 Rinkai Hackathon 2018 (招待講演)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Garcia K., Yoshida K., Aoki K., Endo H., Takemura M., Ogata H.
2. 発表標題 Shuffling Giants: Genome recombination between giant viruses isolated in Japan
3. 学会等名 43rd Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Zhang R., Endo H., Takemura M., Ogata H.
2. 発表標題 Medusavirus Transcriptome Analysis Reveals Temporal Gene Expression Patterns and Alteration of Host Transcriptional Landscape
3. 学会等名 43rd Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Zhang R., Yoshida K., Garcia K., Endo H., Takemura M., Ogata H.
2. 発表標題 Medusavirus transcriptome & the genome characterization of a new medusavirus strain.
3. 学会等名 JSME Environmental Virus Meeting 2020
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 木島壯一朗, 宮崎うらら, Delmont T., 遠藤寿, 緒方博之
2. 発表標題 Discovery of virmyosin of NCLDV and Analysis of its phylogeny
3. 学会等名 The 43rd Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Soichiro Kijima, Tom O Delmont, Urara Miyazaki, Morgan Gaia, Endo Hisashi, Hiroyuki Ogata.
2. 発表標題 Myosin genes in NCLDVs: their complex origins and putative functions
3. 学会等名 10th Aquatic Virus Workshop (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Kimberly Gacayon Garcia, Koki Yoshida, Aoki Keita, Hisashi Endo, Masaharu Takemura, Hiroyuki Ogata
2. 発表標題 Recombination between genomes of giant virus Marseilleviridae
3. 学会等名 10th Aquatic Virus Workshop (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Garcia K., Okazaki Y., Endo H., Ogata H.
2. 発表標題 Detecting recombination signals between giant viruses using metagenomic data
3. 学会等名 The 44th Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Ruixuan Zhang, Hisashi Endo, Masaharu Takemura, Hiroyuki Ogata
2. 発表標題 RNA-seq of medusavirus reveals temporal viral gene expression profile and remodeling of the host nucleus
3. 学会等名 10th Aquatic Virus Workshop (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Hiroyuki Kaneko, Blanc-Mathieu Romain, Hisashi Endo, Hiroyuki Ogata
2. 発表標題 The association of marine viruses and carbon cycle revealed by a large omics dataset
3. 学会等名 10th Aquatic Virus Workshop (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Hisashi Endo, Romain Blanc-Mathieu, Hiroyuki Ogata
2. 発表標題 Pole-to-pole biogeography of marine giant viruses and their role in biogeochemical cycles
3. 学会等名 10th Aquatic Virus Workshop (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Lingjie Meng, Hisashi Endo, Romain Blanc-Mathieu, Samuel Chaffron, Rodrigo Hernandez-Velazquez, Hiroyuki Kaneko, Hiroyuki Ogata
2. 発表標題 Who infects whom? Assessment of Co-occurrence Methods for NCLDV-Host Interactions
3. 学会等名 10th Aquatic Virus Workshop (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Jun Xia, Sohiko Kameyama, Florian Prodinge, Takashi Yoshida, Kyoung-Ho Cho, Jinyoung Jung, Sung-Ho Kang, Eun-Jin Yang, Hiroyuki Ogata, Hisashi Endo
2. 発表標題 Characteristics and association of microbial eukaryotic and Mimiviridae communities in the Beaufort Sea
3. 学会等名 10th Aquatic Virus Workshop (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 緒方博之
2. 発表標題 なんでもありのウイルス進化、だから難しい、だから面白い!
3. 学会等名 第六回微生物生態マラソンセミナー (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 緒方博之
2. 発表標題 ウイルスは生命系・生態系に組み込まれた、切っても切り離せない、生き生きとした『部分』である
3. 学会等名 東京理科大学教養教育研究院主催「知のフロンティア：ウイルスの世紀を生きる第3回～ウイルスとはどういう存在で、人類はどう付き合っていくべきか?」(招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 緒方博之
2. 発表標題 海洋ウイルスと地球環境
3. 学会等名 公開シンポジウム「生物多様性からみたワイルドサイエンス」(招待講演)
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

KofamKOALA <a href="https://www.genome.jp/tools/kofamkoala/">https://www.genome.jp/tools/kofamkoala/</a> KofamKOALA <a href="https://www.genome.jp/tools/kofamkoala/">https://www.genome.jp/tools/kofamkoala/</a> MGENES <a href="https://www.genome.jp/mgenes/">https://www.genome.jp/mgenes/</a>
---

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	長崎 慶三  (Nagasaki Keizo)  (00222175)	高知大学・教育研究部自然科学系理工学部門・教授   (16401)	
研究分担者	吉田 天士  (Yoshida Takashi)  (80305490)	京都大学・農学研究科・教授   (14301)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関			
米国	Ohio State University			
フランス	CNRS	Institute Pasteur	CEA	
ノルウェー	ベルゲン大学			