

令和 5 年 6 月 15 日現在

機関番号：32660

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2020～2022

課題番号：20H03078

研究課題名(和文)水圏生態系における巨大ウイルスの生態ならびに宿主との相互作用の包括的理解

研究課題名(英文)Study of giant virus ecology and virus-host interaction in aquatic environments

研究代表者

武村 政春 (Takemura, Masaharu)

東京理科大学・教養教育研究院神楽坂キャンパス教養部・教授

研究者番号：50303623

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,600,000円

研究成果の概要(和文)：巨大ウイルスは、粒子径、ゲノムサイズ、構造的複雑性などでこれまでのウイルスを大きく上回る。本研究は、これまであまり行われていないウイルス・宿主相互作用の解明を目的とした。その結果、ホクトウイルスによる宿主細胞凝集効果が、ガラクトース認識機構を介して起こること、細胞動態の定量化により、それぞれのウイルス固有の細胞変性効果を識別できること、メドゥーサウイルスの発現遺伝子が、発現開始のタイミングにより5つのカテゴリーに分けられること、メドゥーサウイルス粒子が、その内部状態により4種類あること、コトンウイルスのウイルス工場がゴルジ体由来する脂質二重層で構成されること、などが明らかとなった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究の学術的意義は、巨大ウイルスと宿主との相互作用に着目している点と、巨大ウイルスの局所的な多様性をもとに巨大ウイルスの地理的な分布の生物学的意義に着目している点にある。これらに焦点を当て、分子から生態までを網羅的・体系的に研究を推進している例はこれまでにない。本研究により、先行するフランスの研究グループに匹敵する巨大ウイルス研究の基盤の形成が期待できるとともに、国内外の巨大ウイルス研究、ウイルス学研究ならびに微生物生態学研究に、新たな方向性を示すことができる。水圏における微生物生態系の一員としての巨大ウイルスの生物学的意義が明らかとなり、水圏生命科学の発展に大きく寄与することが期待できる。

研究成果の概要(英文)：Giant viruses greatly exceed previous viruses in particle size, genome size, gene contents, and structural complexity. This study aimed to elucidate virus-host interactions, which have not been elucidated much so far. Here we found that the host cell bunch formation ability of the hokutovirus occurs via a galactose recognition mechanism, that the cellular behavioral dynamics can be quantified using PKA3, which we have developed, to identify each virus-specific cytopathic effect, that the expressed genes of medusavirus can be divided into five categories according to the timing of the onset of the expression, that medusavirus particles are classified into four categories according to their internal conditions, and that the virion factory of cottonvirus is composed of various materials including lipid bilayer derived from the Golgi apparatus.

研究分野：水圏生命科学

キーワード：巨大ウイルス、メドゥーサウイルス、水圏生命科学、ウイルス・宿主相互作用、環境ウイルス、アカントアメーバ、細胞変性効果、DNAウイルス

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

2003年のミミウイルスの発見 (La Scola et al. 2003) 以降、世界中で分離が相次いでいる「巨大ウイルス」は、粒子径、ゲノムサイズ、遺伝子数、構造的複雑性などでこれまでのウイルスを大きく上回る DNA ウイルスである (Iyer et al. 2006)。

巨大ウイルスは、これまでのウイルスの概念を覆し、翻訳に必要な遺伝子を複数もち、時にはバクテリアと同じような複雑な機能と粒子内構造をもつことが明らかとなっている (Abergel et al. 2013)。巨大ウイルスはリボソームを持たず、自力で増殖することはできないためあくまでもウイルスであるが、一方においてその複雑性から、一部の機能を欠く細胞性生物であるとさえ言え、私たち細胞性生物、とりわけ真核生物の進化ならびに分類に新たな議論を投げかける存在でもある (Yutin et al. 2014, Forterre and Gaia 2016)。

巨大ウイルス研究はまだ歴史が浅く、新たな巨大ウイルスを探ること、より大きく、より複雑な巨大ウイルスを探ること、ならびにその構造と機能の研究が大半を占めているといえる。ゲノム解析の進展によって、巨大ウイルスの進化と系統に関する研究も進んでいる一方で、より大きな生態系とそこにおける役割という視点で巨大ウイルスを捉え、その進化を真核生物と同じ枠組みの中で解明しようという、生態系レベルの研究はほとんどない。

こうした学術的背景から、「水圏生態系のなかで、巨大ウイルスはどのような位置づけにあるのか」という「問い」を立てるに至った。

現在、巨大ウイルスの仲間として、ICTV (International Committee on Taxonomy of Viruses) に登録されている「ミミウイルス科」、「マルセイユウイルス科」のほか、最も大きな粒子とゲノムサイズをもつ「パンドラウイルス属 (科)」や、研究代表者らが発見した「メドゥーサウイルス (分類未確定)」など様々なものが知られており、ヨーロッパ、アフリカ、南米など世界中から分離されている。マルセイユウイルスと、ミミウイルスの中でも「系統 A」に属するウイルスは比較的分離例が多いが、パンドラウイルス、メドゥーサウイルス、そしてミミウイルスの中でも「系統 B、C」の仲間は分離例が非常に少ない。また海洋中にミミウイルスが大量に生息していることは明らかになってきたが (Hingamp et al. 2013; Mihara et al. 2018)、陸地の水圏 (淡水・汽水) における巨大ウイルスの分布に関する研究はほとんど進んでいない。最近の研究代表者らの研究により、日本列島のうち本州と北海道の水圏 (淡水・汽水) に、ミミウイルス科系統 B、C を含む上記すべての巨大ウイルスが生息していること、数 mL のサンプルから複数のグループにまたがるウイルスが分離できることから、こうした分離可能な巨大ウイルスが極めて局所的な多様性をもつことが明らかとなってきた (Takemura 2016a; Takemura et al. 2016; Takemura 2016b; Yoshikawa et al. 2019; Aoki et al. 2019; 武村ら 2019; Akashi & Takemura 2019)。このことは、巨大ウイルスが世界的にも、また個別の大陸や島嶼などにも非常にニッチな、かつ多様に分布し、淡水・汽水の水圏生態系の重要な一員となっていることを示している。しかしながら、それではこうした水圏生態系 (湖沼・河川・土壌・都市部の水環境など) から分離された巨大ウイルスが、“そこでどのような役割を果たしているのか”、“宿主微生物とどのような相互作用を行っているのか”に関しては研究が進んでおらず、実態はほとんどわかっていない。

2. 研究の目的

上記「問い」に答えるため本研究では、宿主微生物を含めた水圏生態系の視点から、ウイルス・宿主相互作用ならびに巨大ウイルスの生態と進化を、真核生物の進化の枠組みの中で解明するという目的を定めた。その目的の下、代表的な四つの巨大ウイルス (ミミウイルス、マルセイユウイルス、パンドラウイルス、メドゥーサウイルス) に焦点を当て、ウイルス・宿主相互作用、分布と多様性などの観点から、水圏生態系の中に巨大ウイルスが存在する意味を明らかにすることを目指すこととした。

本研究により、先行するフランスなどの研究グループに匹敵する巨大ウイルス研究の一大基盤が形成されることが期待でき、巨大ウイルス学、微生物生態学、そして水圏生命科学の発展に大きく貢献するものと期待できる。

3. 研究の方法

(1) ウイルス・宿主相互作用の解析

ホクトウイルスの細胞凝集効果の解析

研究代表者らが新潟から新たに分離したマルセイユウイルスの一種ホクトウイルスは、感染した宿主細胞を凝集させる作用を持っていることがこれまでの研究で明らかになった (Aoki et al. 2019)。さらに最近の研究によりガラクトースがその作用を阻害することが明らかとなった。

そこで、ガラクトースに係る糖転移酵素遺伝子(ホクトウイルス自身がもつものと宿主がもつもの両方)の発現ならびに宿主細胞表面の糖鎖構造について、ホクトウイルス感染と非感染とで比較解析を行った。さらに、当研究室において開発したアカントアメーバ専用動態解析プログラム PKA3 を用いて、感染細胞の動きにつき移動距離、移動方向、細胞自身の形の変化等を定量化した。

各巨大ウイルスの宿主細胞に与える影響の定量解析

ミミウイルス、マルセイユウイルス、メドゥーサウイルス、パンドラウイルスが宿主に及ぼす細胞動態レベルでの影響を、同じくアカントアメーバ専用細胞動態解析プログラム PKA2 を用いて定量化した。また、メドゥーサウイルス感染細胞については、細胞全体のサイズや形状のみならず、細胞核や液胞などの細胞小器官の変化についても解析を行った。

メドゥーサウイルスヒストンの構造解析ならびに宿主細胞に与える影響の検討

メドゥーサウイルスは、真核生物と同じくフルセット(5種類)のヒストン遺伝子をもち、宿主の細胞核内で複製することが明らかとなっている(Yoshikawa et al. 2019)。そこで、メドゥーサウイルスのコアヒストン遺伝子を、大腸菌発現系を用いて大量に発現し、その産物であるヒストンタンパク質を精製し、それらを混合してヒストン複合体を再構築する実験を行った。ヒストン複合体画分を、サイズ排除カラムクロマトグラフィー(SEC)により精製し、ネガティブ染色電子顕微鏡により解析し、複合体が再構築されているかを確認した。

また、目的とするタンパク質が GFP 融合タンパク質としてアカントアメーバ細胞内で発現する pGAPDH-EGFP ベクターを用いて、メドゥーサウイルスヒストン H1 タンパク質の安定発現アカントアメーバを構築し、その宿主細胞の細胞動態にどのような変化が現れるかを、同じくアカントアメーバ専用細胞動態解析プログラム PKA3 を用いて解析した。

メドゥーサウイルス感染細胞の経時的トランスクリプトーム解析

メドゥーサウイルスをアカントアメーバに感染後、一定時間ごとに回収し、全 RNA を抽出した。このうち mRNA についてその配列を解析し、トランスクリプトーム解析によりメドゥーサウイルスの感染によって発現が亢進する遺伝子を同定した。

(2) 国内各地からの新たな巨大ウイルスの分離

新規ミミウイルス科コトンウイルスの分離とゲノム・粒子構造・ウイルス工場解析

埼玉・千葉から分離したミミウイルス科ウイルスの3株のうち、2株はミミウイルス科の既存の2つの系統(A、C)にそれぞれ属するウイルスであること、残りの1株はA、B、Cのいずれにも属さない新しい系統であることが、DNA ポリメラーゼの分子系統解析より示唆されていた。そこで、最後の1株(コトンウイルスと命名)について次世代ゲノムシーケンスにより全ゲノム解析を行い、かつ巨大ウイルスコア遺伝子(DNA ポリメラーゼ、主要カプシドタンパク質、ATP アーゼ、ヘリカーゼ・プライマーゼなど)の分子系統解析を分子系統解析プログラム MEGA を用いて行って、その帰属を同定した。さらに、透過型電子顕微鏡、走査型電子顕微鏡、クライオ電子顕微鏡ならびに厚切りトモグラフィーを用いて、粒子構造ならびにウイルス工場の生成過程の解析を行い、細胞小器官特有のタンパク質をターゲットとした免疫染色により、ウイルス工場の由来を明らかにした。

新規パンドラウイルスの分離とゲノム・粒子構造解析

新潟の淡水から、新たにパンドラウイルスに属するウイルス株を分離した。ゲノム DNA を抽出し、次世代ゲノムシーケンスによりその全ゲノム解析を行って、その帰属を同定した。また、電子顕微鏡による解析によりその粒子構造を解析した。

新規メドゥーサウイルスの分離と新科の提唱

京都から新たに分離したメドゥーサウイルス「ステノー株」のゲノム DNA を抽出し、次世代ゲノムシーケンスにより全ゲノム解析を行い、その帰属を同定すると共に、電子顕微鏡による解析によりその粒子構造を解析した。さらに、最初に分離したメドゥーサウイルスを含めて、これらメドゥーサウイルスのゲノム情報から、核細胞質ウイルス門(Phylum *Nucleocytoviricota*)における系統関係を明らかにし、新たな科の創設を ICTV に提案した。

(3) メドゥーサウイルスの成熟過程ならびに粒子構造の解析

細胞外に放出されたメドゥーサウイルス粒子の構造解析について、カプシドタンパク質の構造、内部膜の構造、そしてカプシドと内部膜との距離的变化等の解析を、クライオ電子顕微鏡を用いて行った。さらに、宿主細胞内に存在する成熟過程のメドゥーサウイルス粒子に関して、その形態学的特徴から4種類に分け、細胞内に存在するものは顕微鏡写真をもとにマニュアルで計測し、細胞外に放出された粒子はクライオ電子顕微鏡により計測し、それらの比率を求めた。

4. 研究成果

(1) ウイルス・宿主相互作用の解析

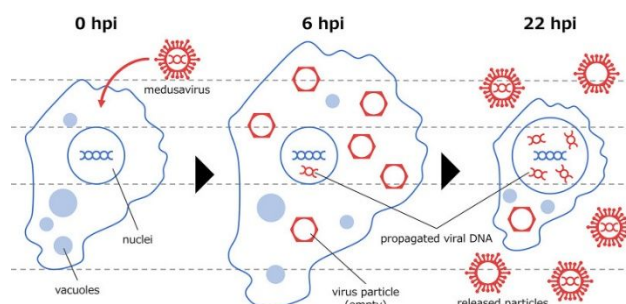
ホクトウイルスの細胞凝集効果の解析

宿主細胞表面に存在する糖鎖構造につき、ホクトウイルス感染細胞と非感染細胞とで比較したところ、ホクトウイルス感染細胞表面にのみ存在する糖鎖構造を同定することに成功した。ただ、その糖鎖を形成する単糖の種類は同定できていないため、現在、その同定を試みているところである（論文未発表）。

また、ホクトウイルスによる宿主細胞凝集効果について、さらに詳細に検討したところ、同じく細胞凝集効果をもたらすツパンウイルスなどで報告されているマンノース認識機構とは異なり、ホクトウイルスはガラクトース認識機構を介して細胞凝集を起こしていることが確認された。PKA3 による解析の結果、ホクトウイルス感染細胞へのガラクトース添加により、細胞凝集効果の遅延がもたらされることがわかった (Aoki K et al. 2021)。これらのことから、ホクトウイルスは、感染したアカントアメーバの表面糖鎖構造を変化させ、ガラクトース認識機構により細胞凝集をもたらすことが明らかとなった。また、ホクトウイルスと、細胞凝集効果のないほかのマルセイユウイルス科ウイルスであるトーキョーウイルスと比較したところ、一定時間後に細胞変性効果があらわれたアカントアメーバ細胞数は前者の方が多ことがわかった (Aoki K et al. 2021)。このことから、細胞凝集効果は、ホクトウイルスなど細胞凝集効果をもたらす系統 B マルセイユウイルス科の、拡散戦略の一翼を担っていることが示唆された。

各巨大ウイルスの宿主細胞に与える影響の定量解析

メドゥーサウイルス、ミミウイルス、キョートウイルス（マルセイユウイルス科）、パンドラウイルスのそれぞれの感染アメーバ細胞において、その細胞動態解析を PKA3 を用いて行ったところ、細胞行動の定量化により、それぞれのウイルスに固有の感染アメーバの動態を引き起こすことが明らかとなった (Fukaya and Takemura 2020)。また、メドゥーサウイルス感染アカントアメーバ細胞における、感染経過による細胞核や細胞内小胞の大きさを追跡し、定量化することに成功した（右図：細胞核の大きさの変化をモデル化したもの）(Fukaya et al. 2023)。これらのことから、メドゥーサウイルスのもつ他の巨大ウイルスには見られない、宿主細胞に対する行動学的影響を明らかにすることができた。これらの成果から、PKA3 を用いた宿主側の行動変容を基準にして、感染しているウイルスの種類を推定することができることも示唆され、今後の巨大ウイルス研究に貢献できると考えられる。



メドゥーサウイルスヒストンの構造解析ならびに宿主細胞に与える影響の検討

メドゥーサウイルスの2株（メドゥーサ、ステノー）のうち、メドゥーサウイルス・ステノーのコアヒストンタンパク質を精製することに成功した。これらのヒストンを混合し、塩濃度を高濃度から低濃度へと透析により段階的に透析することで複合体を形成することが、SEC 解析ならびにネガティブ染色電子顕微鏡解析により明らかとなった（論文未発表）。現在、このヒストン複合体画分に DNA を添加し、ヌクレオソームを形成するかどうかを解析している。

一方、メドゥーサウイルスヒストン H1 遺伝子の安定発現アカントアメーバ株を用いた解析により、メドゥーサウイルスヒストン H1 タンパク質が細胞核へ移行することが明らかとなった。また、PKA3 を用いた解析により、細胞核でメドゥーサウイルスヒストン H1 が強制的に発現すると、細胞核のサイズが引き締まるように安定化することが明らかとなった（論文未発表）。現在、この安定発現株にメドゥーサウイルスを感染させ、野生株と比べてその感染サイクルにどのような変化が生じるかを解析している。

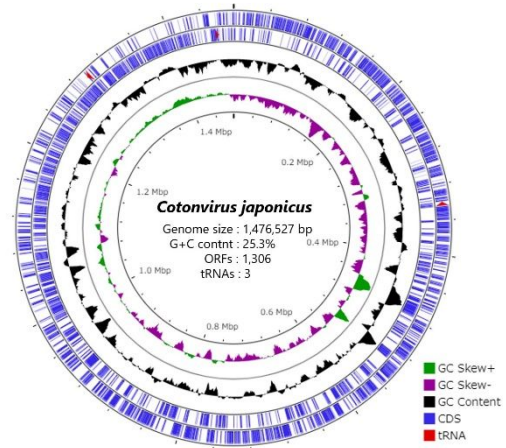
メドゥーサウイルス感染細胞の経時的トランスクリプトーム解析

経時的トランスクリプトーム解析により、メドゥーサウイルスが感染後に発現する遺伝子は、発現が開始されるタイミングを基準に大きく5つのグループに分けられることが明らかとなった。とりわけ、メドゥーサウイルスがもつフルセットのヒストン遺伝子のうち、ヒストン H1 遺伝子は最も初期（感染後1時間）から発現が始まること、4つのコアヒストン遺伝子は、感染後4時間から発現が始まることが明らかとなった (Zhang et al. 2021)。このことと、上記のヒストン H1 安定発現株の解析から、メドゥーサウイルスヒストン H1 は、メドゥーサウイルスゲノムの細胞核における複製に先立って、細胞核の環境を何らかの方法により整えていることが示唆された。

(2) 国内各地からの新たな巨大ウイルスの分離

新規ミミウイルス科コトウイルスの分離とゲノム・粒子構造・ウイルス工場解析

新たに分離したミミウイルス科ウイルスは、次世代ゲノムシーケンスにより全ゲノムを明らかにし、コア遺伝子の分子系統解析を行った結果、ミミウイルス科のこれまでのどの系統（A、B、C、ツパンウイルス）とも異なることが明らかとなった（下図：コトウイルスゲノムの概要）。また、透過型電子顕微鏡解析などにより、その表面繊維がこれまでのどの系統とも異なる形態の特徴を有していることが明らかとなり、その性状からコトウイルス（coton：フランス語で「綿」の意）と名付けた（Takahashi et al. 2021）。また、コトウイルスのウイルス工場を厚切りトモグラフィーで解析し、さらにゴルジ体に局在するタンパク質に対する抗体を用いて免疫染色を行った結果、コトウイルスのウイルス工場は、他のミミウイルス科ウイルスが小胞体に由来する脂質二重層ではなく、ゴルジ体由来の脂質二重層に由来し、その脂質二重層を用いてウイルス粒子の内部膜が組み立てられることが示唆された（Takahashi et al. 2021）。このことから、ミミウイルス科のウイルス工場が、系統により様々な細胞内構造を利用して作られることが明らかとなり、ミミウイルス科はその形態学的特徴のみならず、ウイルス工場生成過程においても多様性が存在することが明らかとなった。



新規パンドラウイルスの分離とゲノム・粒子構造解析

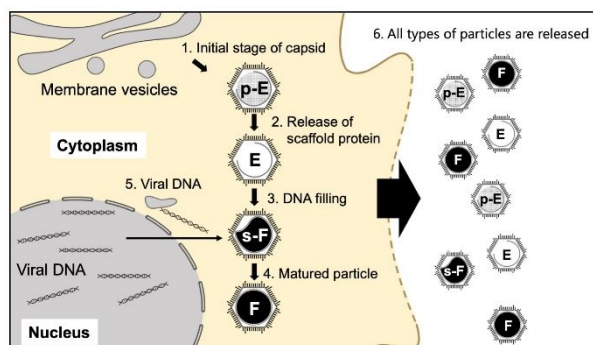
新潟の淡水から分離したパンドラウイルスは、粒子構造については、これまで分離されてきたパンドラウイルスと形態的にほぼ同じであることが明らかとなったが、次世代ゲノムシーケンスによる全ゲノム解析の結果、そのゲノムは他のパンドラウイルスとは異なることが明らかとなった。このウイルスに、パンドラウイルス・ジャポニクスと命名した（Hosokawa et al. 2021）。

新規メドゥーサウイルスの分離と新科の提唱

京都の淡水から分離した新たなメドゥーサウイルスは、粒子構造については、最初のメドゥーサウイルスと形態的にほぼ同じであることが明らかとなったが、次世代ゲノムシーケンスによる全ゲノム解析の結果、そのゲノムは最初のメドゥーサウイルスとは異なることが明らかとなった。このことから、新たに分離したメドゥーサウイルスにメドゥーサウイルス・ステノー（stheno：ギリシャ神話におけるメドゥーサの姉の名）と名付けた（Yoshida et al. 2021）。また、詳細なゲノム解析の結果、最初に分離したメドゥーサウイルスの種名を「メドゥーサウイルス・メドゥーサエ（Medusavirus medusae）」、ステノーの種名を「メドゥーサウイルス・ステナス（Medusavirus sthenus）」とし、核細胞質性ウイルス門（Phylum Nucleocytoviricota）に属するマモノウイルス科（Family Mamonoviridae）（Mamono：日本語の「魔物」に由来）に属するメドゥーサウイルス属（Genus Medusavirus）とする提案を ICTV に対して行った（Zhang et al. 2023）。この提案は、2023年4月、ICTVにおいて批准され、マモノウイルス科は正式に登録された。

(3) メドゥーサウイルスの成熟過程ならびに粒子構造の解析

4種類のメドゥーサウイルス粒子には、内部にゲノムが詰まって成熟した粒子（full）、内部にタンパク質スカフォールド様の物質が存在する粒子（pseudo-DNA-empty）、ゲノムの一部が詰まっている粒子（semi-DNA-full）、そして中空粒子（empty）の4種類があることがわかった。細胞内に存在する粒子の場合、細胞核に比較的近いところに full 粒子が存在することがわかった。また、ウイルス粒子のクライオ電子顕微鏡を用いた解析により、内部膜が完全に閉じていないステージが、pseudo-DNA-empty、semi-DNA-full 粒子で見られたことから、メドゥーサウイルスは、最初に empty 粒子が生成し、次にその構造維持のため内部に DNA 以外の物質が入った pseudo-DNA-empty 粒子ができ、その後に、その物質と入れ替わるようにゲノム DNA が入り込むという、複雑な粒子形成機構を有することが示唆された（右図）（Watanabe et al. 2022）。



5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計13件（うち査読付論文 13件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 13件）

1. 著者名 Sho Fukaya, Lisa Masuda, Masaharu Takemura.	4. 巻 11
2. 論文標題 Analysis of morphological changes in the nucleus and vacuoles of <i>Acanthamoeba castellanii</i> following giant virus infection.	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Microbiology Spectrum	6. 最初と最後の頁 e04182-22
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/spectrum.04182-22	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 Ruixuan Zhang, Masaharu Takemura, Kazuyoshi Murata, Hiroyuki Ogata.	4. 巻 168
2. 論文標題 "Mamonoviridae", a proposed new family of the phylum Nucleocytoviricota.	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Archives of Virology	6. 最初と最後の頁 80
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00705-022-05633-1	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 Ryoto Watanabe, Chihong Song, Yoko Kayama, Masaharu Takemura, Kazuyoshi Murata.	4. 巻 96
2. 論文標題 Particle morphology of medusavirus inside and outside the cells reveals a new maturation process of giant viruses.	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Journal of Virology	6. 最初と最後の頁 e01853-21
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/jvi.01853-21	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 Takahashi Haruna, Fukaya Sho, Song Chihong, Murata Kazuyoshi, Takemura Masaharu	4. 巻 95
2. 論文標題 Morphological and Taxonomic Properties of the Newly Isolated Cottonvirus japonicus, a New Lineage of the Subfamily Megavirinae.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Journal of Virology	6. 最初と最後の頁 e00919-21
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/JVI.00919-21	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 Ryo Hamano, Shingo Shoumura, Yuto Takeda, Tokio Yamazaki, Kota Hirayama, Yasutaka Hanada, Shigeki Mayama, Masaharu Takemura, Han-Jia Lin, and Kazuo Umemura.	4. 巻 27
2. 論文標題 Sinking of four species of living diatom cells directly observed by a “ tumbled ” optical microscope.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Microscopy and Microanalysis	6. 最初と最後の頁 1154-1160
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1017/S1431927621012150	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 Sho Fukaya and Masaharu Takemura.	4. 巻 9
2. 論文標題 Kinetic analysis of Acanthamoeba castellanii infected with giant viruses quantitatively revealed process of morphological and behavioral changes in host cells.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Microbiology Spectrum	6. 最初と最後の頁 e00368-21
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/Spectrum.00368-21	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 Ruixuan Zhang, Hisashi Endo, Masaharu Takemura, and Hiroyuki Ogata.	4. 巻 9
2. 論文標題 RNA-seq 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 e00064-21
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 Masaharu Takemura.	4. 巻 11
2. 論文標題 Genome sequence of new Candidatus Phylum Dependitiae isolate from Chiba, Japan.	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 e01123-21
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/mra.01123-21	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 Motohiro Akashi, Ichiro Fujihara, Masaharu Takemura, Mitsuru Furusawa.	4. 巻 538
2. 論文標題 2-Dimensional Genetic Algorithm Exhibited an Essentiality of Gene Interaction for Evolution.	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Journal of Theoretical Biology	6. 最初と最後の頁 111044
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.jtbi.2022.111044	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 Masaharu Takemura.	4. 巻 11
2. 論文標題 Medusavirus Ancestor in a Proto-Eukaryotic Cell: Updating the Hypothesis for the Viral Origin of the Nucleus.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Frontiers in Microbiology	6. 最初と最後の頁 571831
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fmicb.2020.571831	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 Koki Yoshida, Ruixuan Zhang, Kimberly G. Garcia, Hisashi Endo, Yasuhiro Gotoh, Tetsuya Hayashi, Masaharu Takemura, Hiroyuki Ogata.	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 Keita Aoki, Sho Fukaya, Haruna Takahashi, Mio Kobayashi, Kenta Sasaki, Masaharu Takemura.	4. 巻 36
2. 論文標題 Marseilleviridae Lineage B Diversity and Bunch Formation Inhibited by Galactose.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	6. 最初と最後の頁 eME20139
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1264/jsme2.ME20139	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 Nao Hosokawa, Haruna Takahashi, Keita Aoki, and Masaharu Takemura.	4. 巻 10
2. 論文標題 Draft genome sequence of Pandoravirus japonicus isolated from the Sabaishi River, Niigata, Japan.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 e00365-21
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/MRA.00365-21	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 -

〔学会発表〕 計17件 (うち招待講演 3件 / うち国際学会 2件)

1. 発表者名 武村政春
2. 発表標題 Mysterious relationship between moomouvirus and its host amoebae.
3. 学会等名 第5回ExCELLSシンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 山本果奈, 武村政春.
2. 発表標題 Medusavirus histone H1の宿主に与える影響と機能の解明.
3. 学会等名 第69回日本ウイルス学会学術集会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Ruixuan Zhang, Masaharu Takemura, Kazuyoshi Murata, Hiroyuki Ogata.
2. 発表標題 Phylogenomic Analysis to Define the Taxonomic Classification of Medusaviruses Isolated in Japan.
3. 学会等名 日本微生物生態学会第35回大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 和地美来、菊池風花、大場真己、竹前等、武村政春、水谷哲也.
2. 発表標題 ミミウイルス感染アメーバにおいて細胞変性効果を誘引する因子の探索.
3. 学会等名 第165回日本獣医学会学術集会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 渡邊凌人, Song Chihong, Kayama Yoko, Takemura Masaharu, Murata Kazuyoshi
2. 発表標題 EM観察により解明されたメドゥーサウイルスの粒子成熟過程
3. 学会等名 日本顕微鏡学会第77回学術講演会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Kimberly G. Garcia, Koki Yoshida, Keita Aoki, Hisashi Endo, Masaharu Takemura, Hiroyuki Ogata.
2. 発表標題 Shuffling Giants: Genome recombination between giant viruses isolated in Japan.
3. 学会等名 10th Aquatic Virus Workshop (国際学会)
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 suggests remodeling of the host nuclear environment at an early infection stage.
3. 学会等名 10th Aquatic Virus Workshop (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 佐々木健太, 東浦彰史, 武村政春
2. 発表標題 巨大ウイルスの一種medusavirusの持つヒストン様タンパク質H2A, H2Bの精製とDNA結合能の解析
3. 学会等名 日本微生物生態学会第34回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 小林実桜, 松村和樹, 増田りさ, 緒方博之, 武村政春
2. 発表標題 巨大ウイルスの一種Medusavirus stenoの持つヒストン様タンパク質H3-H4の精製ならびに動態解析による姉妹株の比較
3. 学会等名 日本微生物生態学会第34回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 山本果奈, 小林実桜, 武村政春
2. 発表標題 アcantアメーバ強制発現系を用いたmedusavirusヒストンH1遺伝子の強制発現ならびにH1タンパク質のクローニングと精製
3. 学会等名 日本微生物生態学会第34回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 深谷将, 青木啓太, 小林実桜, 増田りさ, 武村政春
2. 発表標題 位相差顕微鏡下での巨大ウイルス感染Acanthamoeba castellaniiの行動解析
3. 学会等名 日本微生物生態学会第34回大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 小林実桜, 松村和樹, 増田りさ, 緒方博之, 武村政春
2. 発表標題 Medusavirus sthenoの持つヒストン様タンパク質H3-H4の精製ならびに感染細胞の動態解析による姉妹株との比較
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 佐々木健太, 東浦彰史, 武村政春
2. 発表標題 Acanthamoeba castellanii medusavirusの持つヒストン様タンパク質H2A, H2Bの精製とDNA結合能の解析
3. 学会等名 第44回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 武村政春
2. 発表標題 巨大ウイルスはなぜヒストン遺伝子を持っているのか？
3. 学会等名 第4回ExCELLSシンポジウム(招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 戸室幸太郎, 矢木宏和, 関口太郎, 谷中冴子, 内橋貴之, 武村政春, 加藤晃一
2. 発表標題 巨大ウイルスが有する糖転移酵素様タンパク質の性状解析
3. 学会等名 日本生物物理学会中部支部会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Haruna Takahashi, Sho Fukaya, Masaharu Takemura.
2. 発表標題 Analysis of the genomic features and the infection cycle of Cottonvirus japonicus, a novel giant virus belonging to a new lineage in the family Mimiviridae.
3. 学会等名 第43回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 武村政春.
2. 発表標題 巨大ウイルスがアメーバを " 食べる " 方法と、その進化について.
3. 学会等名 日本アミノ酸学会第14回学術大会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計3件

1. 著者名 武村政春	4. 発行年 2022年
2. 出版社 技術評論社	5. 総ページ数 272
3. 書名 ウイルスの進化史を考える	

1. 著者名 武村政春.	4. 発行年 2020年
2. 出版社 講談社	5. 総ページ数 256
3. 書名 細胞とはなんだろう	

1. 著者名 武村政春.	4. 発行年 2021年
2. 出版社 春秋社	5. 総ページ数 284
3. 書名 ウイルスはささやく	

〔産業財産権〕

〔その他〕

武村研究室ウェブサイト https://takemura-lab.azurewebsites.net/main/index
--

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	村田 和義 (Murata Kazuyoshi) (20311201)	大学共同利用機関法人自然科学研究機構(新分野創成センター、アストロバイオロジーセンター、生命創成探究・生命創成探究センター・特任教授 (82675)	
研究分担者	緒方 博之 (Ogata Hiroyuki) (70291432)	京都大学・化学研究所・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
---------	---------