

令和 4 年 6 月 21 日現在

機関番号：82706

研究種目：挑戦的研究（開拓）

研究期間：2018～2021

課題番号：18H05368・20K20377

研究課題名（和文）非レトロRNAウイルス網羅解析技術による新しいRNAウイルス学の創出

研究課題名（英文）Novel RNA virology

研究代表者

布浦 拓郎（Nunoura, Takuro）

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)・センター長代理

研究者番号：60359164

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 20,000,000円

研究成果の概要（和文）：本研究では、両末端配列を含む長鎖二本鎖RNAの完全長配列を得ることが可能な独自のシーケンシング手法であるFLDS法の高感度化と多様な試料への適用を進めた。更に、病原性RNAウイルスの完全長決定や末端領域を含む塩基多型の解析にも利用可能であること、また、全てのRNAウイルスが保有するRNA-dependent RNA polymerase(RdRp)遺伝子が分断された形で複数のゲノムセグメントにコードされている事例を初めて検出した。その他、未知RNAウイルス検出に不可欠な情報学的ツールの開発及びそれに伴うデータベースの開発を行った他、RNAウイルス遺伝子の導入による宿主形質の転換を試みている。

研究成果の学術的意義や社会的意義

従来のトランスクリプトーム解析手法からのRNAウイルスゲノム配列探索は、宿主のmRNAやrRNAに由来する膨大な配列情報の中からの僅かな配列を見出す必要があるだけでなく、ゲノム末端配列の決定が困難であることや、複数セグメントからなるゲノムを有す未知ウイルスについては、RdRp遺伝子配列をコードしないセグメントの検出が困難である等の技術的な課題がある。本研究は、FLDS法があらゆる非レトロRNAウイルスに適用可能であることを証明した。本研究の成果と従来手法による膨大な既存データを組み合わせることで、より効率的に環境中の未知RNAウイルス分布とその機能理解が深まると期待する。

研究成果の概要（英文）：Fragmented and primer ligated dsRNA sequencing (FLDS) is a sequencing method applicable to long double-stranded RNA (dsRNA) that enables the complete genome sequencing of both double- and single-stranded RNA viruses, and were developed by our research team. In this project, we developed FLDS ver.3 which allowed successful cDNA synthesis and amplification from 10 pg of dsRNA, and the updated method were applied in diverse biological samples. In this novel, method, we successfully obtained complete genome sequences from diverse pathogenic viruses, and information of nucleotide polymorphism across the genome segments including terminal regions. In addition, we have contributed a development of RdRp identification system using Hidden Markov Model, and examined a transformation of host phenotype using RNA virus genes.

研究分野：微生物生態学

キーワード：RNAウイルス バイローム dsRNA シーケンシング

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

我々や食糧生産を害する新興感染症を含む疾患の原因となるウイルスの多くは、自然界に安定した宿主を有し、それが人類社会と接触することで発生する。一方、病変として顕在化しない RNA ウイルス感染が宿主生物の環境適応に資する事例も報告されている。例えば、抗菌タンパク質をコードするウイルスへの感染により、抗菌タンパク質を獲得してニッチを得る現象や、ウイルス感染による熱耐性、乾燥耐性の獲得等である。

宿主との関係性により、害益の両面を有す可能性のあるウイルスであるが、疾患対策としての自然宿主の特定、有益ウイルス機能の利用、いずれの場合も自然宿主への感染はしばしば顕在化しないため、その特定は容易でない。なぜなら、既存の迅速ウイルス検出技術は、『特定の既知ウイルス』しか検出できず、シーケンスに基づくウイルスを網羅探索する技術も、網羅性や効率に問題があり、汎用利用するに現実的な方法ではない。

申請者らは、独自の網羅的 RNA ウイルス検出技術 FLDS 法 (fragmented and loop primer ligated dsRNA sequencing) を確立し、初めて実用レベルで『不特定の(非レトロ) RNA ウイルス』を一挙に検出することを可能にした(Urayama et al. 2015、特許出願済)。本手法は、RNA ウイルス感染の指標とし知られている "dsRNA" (dsRNA ウイルスのゲノム・ssRNA ウイルスの複製中間体) を高純度に精製・断片化し、末端からの逆転写により得た完全長 cDNA を次世代シーケンサーで解読するものである。FLDS は既に海洋プランクトン試料を対象とした解析から世界最高性能の(未知)ウイルス検出実績を有し(Urayama et al. 2015 & 2018a)、昆虫、植物、藻類や糞便等の幅広い試料に対する有効性を確認していた(Koyama et al. 2016、Urayama et al. 2018b)。その一方、ほ乳類等の動物組織における適用には、試料処理やライブラリー構築において手法の最適化・高感度化が必要であることが予備実験により明らかにされていた。

2. 研究の目的

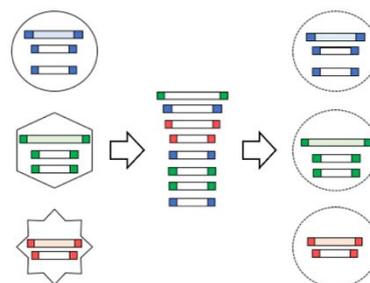
研究開始当初の状況を鑑み、以下の3つの課題を設定し、研究を開始した。

(1) 高等動物組織での適用を最適化するプロトコルの開発

予備解析により、これらの組織由来の試料においては rRNA 配列除去効率の向上等による高感度化が不可欠であることが示されていた(mRNA に比べ圧倒的に濃度の低い dsRNA では、既存手法のみでは rRNA を十分に除去出来なかった)。そこで、本研究ではこの課題を解決する為、dsRNA 精製手法の最適化及びシーケンスライブラリー構築の高感度化を試みた。また、高感度化達成後は、出来るだけ多様な単離された RNA ウイルスを対象とした解析も実施し、その手法の適用可能性の検証も進めた。

(2) 多様な医用・産業生物及び周辺野生生物試料に対する FLDS 解析と RNA ウイルスデータベースの構築

開発した手法が広範な用途で適用されることを想定し、また、本手法の特徴である RdRp 非コードゲノムセグメント同定能力で得た情報へのアクセシビリティを向上するため、産業動植物やその周辺に生息する生物等を対象に多様な生物試料を FLDS 解析に供するに留まらず、それを活用した環境 RNA ウイルスゲノムデータベースを構築することを構想した。



FLDSによる完全長シーケンスで、未知系統ウイルスゲノムも同定可能

(3) RNA ウイルスを機能核酸とする細胞機能制御技術の開発

感染により、宿主の環境適用等へ影響することが明らかにされている RNA ウイルス配列の遺伝子資源としての活用を期待し、最も環境 RNA ウイルスに関する理解が進んでいる酵母・真菌をモデル宿主として、RNA ウイルス由来配列を活用した細胞機能制御技術の開発を構想した。

3. 研究の方法

(1) 高等動物組織での適用を最適化するプロトコルの開発

高等動物組織からの RNA 抽出手法及び rRNA 除去効率の向上、精製した dsRNA からの cDNA 合成効率の向上を目指した実験検討を実施した。また、キャピラリー電気泳動システムを活用し、汎用的な濃度測定手法が報告されていない dsRNA の定量手法の検討を行った。更に、本手法の汎用性を検証するため、ロタウイルス、コロナウイルス等々の単離株を対象とした検証実験を実施すると共に、ロタウイルスについては、ゲノムセグメント末端域を含む全ゲノム領域を対象とした塩基多型の解析も試みた。

(2) 多様な医用・産業生物及び周辺野生生物試料に対する FLDS 解析と RNA ウイルスデータベースの構築

植物、昆虫、海藻、海綿、真菌、動物性プランクトン、野生高等動物組織等、多様な試料を対象とした FLDS 解析を実施した。一方、データベース構築については、本研究期間中に、既存のトランスクリプトームデータを用いた大規模な RNA ウイルスゲノム配列検出の試みが相次いで報告されたことを受け、単独でのデータベース構築を断念した。一方において、研究協力者らと共同で、効率よく RdRp 配列を検出する隠れマルコフモデルを中核とした情報解析手法の開発を進め、その基盤となるデータベースの構築に貢献することとした。

(3) RNA ウイルスを機能核酸とする細胞機能制御技術の開発

RNA ウイルスの主要な宿主生物である真核生物のモデル生物パン酵母を利用し、多様な RNA ウイルス配列を含むライブラリーを導入するスクリーニング系の構築を目指した。しかし、十分に機能しなかったため、糸状菌を宿主とする研究開発を実施することとした。当該研究では単離済み RNA ウイルスを、RNA ウイルスを有していない糸状菌に導入するなどし、糸状菌の形質を制御することを目指した。

4. 研究成果

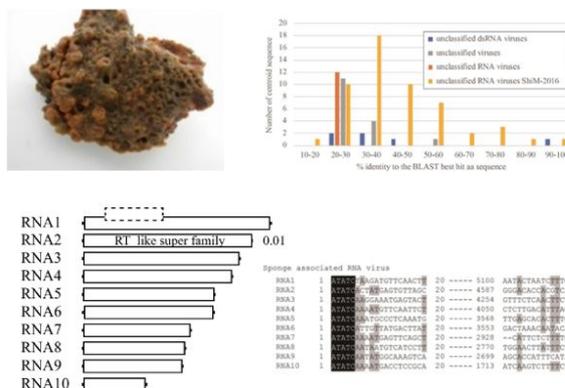
(1) 高等動物組織での適用を最適化するプロトコルの開発

dsRNA の存在比が低い高等動物組織にも適用可能となるよう、FLDS 法の高感度化を目指したプロトコルの改良を進め、高純度な dsRNA であれば、10pg の基質からライブラリー構築が可能であることを実証した (Hirai et al. 2021)。また、この過程において、dsRNA のキャプラー電気泳動を用いた定量が可能であることを実証している。蛍光等による他種の核酸との識別が出来ない難点はあるが、従来、dsRNA を簡便かつ正確にラボレベルで定量する手法は報告されていなかったことを考えると、多様な分子生物学分野における活用が期待される。更に、dsRNA 精製手法と rRNA 除去条件を最適化し、更に高感度化したライブラリー構築手法を適用することで、高等動物組織においても、FLDS 法の適用が可能であることを実証した。

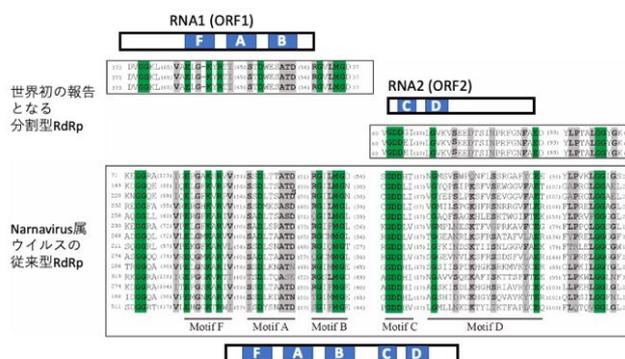
(2) 多様な医用・産業生物及び周辺野生生物試料に対する FLDS 解析と RNA ウイルスデータベースの構築

植物を対象とした解析においては、これまでゲノム全長が報告されていなかった植物病原ウイルスである Sikte (Sitke) waterborne virus のゲノム解析に貢献し (Uehara-Ichiki et al. 2021)、海藻やアリ、深海動物に感染する新規 RNA ウイルスゲノムを決定した (Urayama et al. 2018; Fukasawa et al. 2020, Chiba et al. 2020)。その他、海綿や地衣類、動物性プランクトンを対象としたメタゲノム解析を行い、中でも、海綿からは RNA ウイルスとしては巨大なゲノムを有す新規性の高いウイルスゲノム情報を得た (Urayama et al. 2020ab; Hirai et al. 2022)。また、真菌からは、RdRp が 2 つのゲノムセグメントに分割してコードされるウイルスを複数種、相次いで発見した (Chiba et al. 2021, 2022)。

一方、データベース構築においては、本研究計画中に、相次いで公共データベース等に存在する膨大なトランスクリプトームデータからのマイニングによる新規系統群発見を含む RNA ウイルス多様性評価に関する論文が相次いで発表されたことを受け、連携する研究者と共同し、RNA ウイルス由来の RdRp 配列を効率よく、かつ高精度に検出する隠れマルコフモデルと、それに伴うデータベースの構築を実施した (Sakaguchi et al. 2022)。現在、非常に多様な RdRp を検出するための多様な隠れマルコフモデルによる検出手法が発表されており、今後、それらとの精度や長所短所の比較検討を行い、より精度の高い RNA



海綿から新規性の高いRNAウイルスを多数検出し、うち1種はすべての遺伝子が既知配列と明確な類似性を有していなかった。



「RNAウイルスはRdRpを単一のORFにコードしている」という例外のなかった経験則を覆し、分割型RdRpを発見した。

ウイルス配列検出システムの構築を進める予定である。更に、FLDS 法の有す RdRp をコードしないゲノムセグメントを得ることの出来る利点を活用し、RdRp をコードするゲノムセグメントのみが同定されている新規系統群の全ゲノム情報の解明等を進めたい。

その他、ウイルス培養細胞等を対象とした病原ウイルス等単離ウイルスを対象とした FLDS 法の適用検証においては、ロタウイルスにおける事例では、全ゲノムセグメントの全長配列に渡る遺伝子多型に成功した (Kadoya et al. 2020 & 2022)。本手法は、従来の手法では困難な末端領域を含む全ゲノム領域を対象とした遺伝子多型・変異を、PCR 等によるバイアスを排除して解析可能な点において従来法に対してアドバンテージがある。更に、コロナウイルス等の一本鎖 RNA ウイルスの全長ゲノム解析にも有効であることも検証しており、今後、連携研究者と共に論文として公表する準備を進めている。

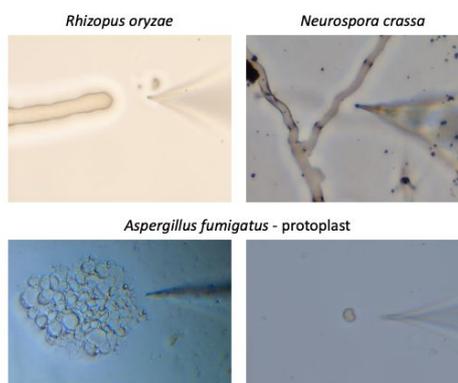
(3) RNA ウイルスを機能核酸とする細胞機能制御技術の開発

パン酵母をモデル系とし、シャトルベクターシステムによりウイルス遺伝子ライブラリーの導入・発現をめざした。シャトルベクターを用いたと既知遺伝子の発現を確認出来たため、ライブラリーの導入を試みたが、シャトルベクターへのライブラリー導入効率が悪く、In-fusion 法や従来型のクローニング手法等を試しても効率の向上は認められなかった。そこで、ウイルス遺伝子ライブラリーではなく、ウイルスそのものを自然宿主である糸状菌に導入し、糸状菌の形質を制御する技術の研究開発を実施した。具体的には、ウイルスの糸状菌への導入方法の確立、ウイルス保持・非保持による宿主菌形質変化の調査、を実施した。

当該ウイルスは、元来細胞に侵入する機構を有しておらず、ウイルスを細胞に塗布しても感染細胞は得られない。そのため、ウイルスを利用した細胞制御を行うためには、先ずウイルスの効率的な導入方法が必要となる。多様なウイルスについて利用可能な導入方法が未確立であったため、本研究ではマイクロインジェクション法やパーティクルガン法、スフェロプラスト融合法を検討したが、効率的なウイルス導入体取得には至っていない。そこで、導入方法の検討は進めつつ、スループットの低い従来手法である菌糸融合法を採用し、以降の研究を進めている。

ウイルスが宿主糸状菌の多様な形質

を変化させうる能力を有していることは多くの事例で報告されているが、その機能発現は特定の宿主菌株との組み合わせに限定されているのか、多様な宿主菌種に対して同様に発現し得るものなのか明らかになっていない。細胞制御技術としての利用を考えるうえで、上記のような機能発現スペクトルの理解は必要不可欠と言える。そこで、ウイルス保持・非保持による宿主菌形質の変化を網羅的に解析した。具体的には *Aspergillus* 属菌 2 種とそこに含まれる多数の菌株を用い、多様な RNA ウイルスがどのような機能変化をもたらし、それはどの程度の宿主範囲であれば機能するのかを調査した。その結果、ウイルスが宿主菌に与える影響は環境条件の影響を受け、場合によっては宿主菌にとってポジティブに、またある場合はネガティブに作用することを見出した。さらに、ウイルス保持株と非保持株のトランスクリプトーム比較では、ウイルスが宿主菌の RNA 発現に影響を与えるものの、その変化の度合いは、同種菌株間の遺伝子発現の差異よりは小さいことを明らかにした。当該研究の実施のため、効率的なウイルス除去技術を確立しており、上記発見の内容と共に論文化を進めている。これら知見は、有益なウイルスの利用に際して多くの示唆を与えるものであり、当該研究によって RNA ウイルスを機能核酸とする細胞機能制御技術の基盤構築が進展したと言える。



マイクロインジェクションによる有用RNAウイルスの導入検討

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計12件（うち査読付論文 12件 / うち国際共著 1件 / うちオープンアクセス 10件）

1. 著者名 Sakaguchi Shoichi, Urayama Syun-ichi, Takaki Yoshihiro, Wu Hong, Suzuki Youichi, Nunoura Takuro, Nakano Takashi, Nakagawa So	4. 巻 37
2. 論文標題 NeoRdRp: A comprehensive dataset for identifying RNA-dependent RNA polymerase of various RNA viruses from metatranscriptomic data	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	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) なし	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 Kadoya Syun-suke, Urayama Syun-ichi, Nunoura Takuro, Hirai Miho, Takaki Yoshihiro, Kitajima Masaaki, Nakagomi Toyoko, Nakagomi Osamu, Satoshi Okabe, Nishimura Osamu, Sano Daisuke	4. 巻 13
2. 論文標題 The Intrapopulation Genetic Diversity of RNA Virus May Influence the Sensitivity of Chlorine Disinfection	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Frontiers in Microbiology	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) 10.3389/fmicb.2022.839513	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 Junya Hirai, Syun-ichi Urayama, Yoshiro Takaki, Miho Hirai, Keizo Nagasaki, Takuro Nunoura	4. 巻 37
2. 論文標題 RNA Virosphere in a Marine Zooplankton Community in the Subtropical Western North Pacific	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	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) 10.1264/jsme2.ME21066	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 Chiba Yuto, Oiki Sayoko, Yanjie Zhao, Nagano Yuriko, Urayama Syun-ichi, Hagiwara Daisuke	4. 巻 7
2. 論文標題 Splitting of RNA-dependent RNA Polymerase is Common in <i>Narnaviridae</i>: Identification of a type II Divided-RdRp from Deep-Sea Fungal Isolates	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Virus Evolution	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) 10.1093/ve/veab095	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 Chiba Yuto, Tomaru Yuji, Shimabukuro Hiromori, Kimura Kei, Hirai Miho, Takaki Yoshihiro, Hagiwara Daisuke, Nunoura Takuro, Urayama Syun-ichi	4. 巻 35
2. 論文標題 Viral RNA Genomes Identified from Marine Macroalgae and a Diatom	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	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) 10.1264/jsme2.ME20016	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 Urayama Syun-ichi, Doi Nobutaka, Kondo Fumie, Chiba Yuto, Takaki Yoshihiro, Hirai Miho, Minegishi Yasutaka, Hagiwara Daisuke, Nunoura Takuro	4. 巻 11
2. 論文標題 Diverged and Active Partitiviruses in Lichen	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Frontiers in Microbiology	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) 10.3389/fmicb.2020.561344	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 Uehara-Ichiki Tamaki, Urayama Syun-ichi, Hirai Miho, Takaki Yoshihiro, Nunoura Takuro, Fujinaga Masashi, Hanada Kaoru	4. 巻 166
2. 論文標題 Complete genome sequence of Sikte (Sitke) waterborne virus, a member of the genus Tombusvirus	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Archives of Virology	6. 最初と最後の頁 991 ~ 994
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00705-020-04949-0	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 Hirai Miho, Takaki Yoshihiro, Kondo Fumie, Horie Masayuki, Urayama Syun-ichi, Nunoura Takuro	4. 巻 36
2. 論文標題 RNA Viral Metagenome Analysis of Subnanogram dsRNA Using Fragmented and Primer Ligated dsRNA Sequencing (FLDS)	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	6. 最初と最後の頁 n/a ~ n/a
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1264/jsme2.ME20152	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 Chiba Yuto, Oiki Sayoko, Yaguchi Takashi, Urayama Syun-ichi, Hagiwara Daisuke	4. 巻 7
2. 論文標題 Discovery of divided RdRp sequences and a hitherto unknown genomic complexity in fungal viruses	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Virus Evolution	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) 10.1093/ve/veaa101	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 Fukasawa Fumika, Hirai Miho, Takaki Yoshihiro, Shimane Ysuihiro, Thomas Cathleen E., Urayama Syun-ichi, Nunoura Takuro, Koyama Satoshi	4. 巻 165
2. 論文標題 A new polycipivirus identified in Colobopsis shohki	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Archives of Virology	6. 最初と最後の頁 761 ~ 763
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00705-019-04510-8	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 Urayama Syun-ichi, Takaki Yoshihiro, Hagiwara Daisuke, Nunoura Takuro	4. 巻 35
2. 論文標題 dsRNA-seq Reveals Novel RNA Virus and Virus-Like Putative Complete Genome Sequences from Hymeniacidon sp. Sponge	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Microbes and Environments	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) 10.1264/jsme2.ME19132	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 Kadoya Syun-suke, Urayama Syun-ichi, Nunoura Takuro, Hirai Miho, Takaki Yoshihiro, Kitajima Masaaki, Nakagomi Toyoko, Nakagomi Osamu, Okabe Satoshi, Nishimura Osamu, Sano Daisuke	4. 巻 -
2. 論文標題 Bottleneck Size-Dependent Changes in the Genetic Diversity and Specific Growth Rate of a Rotavirus A Strain	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Virology	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) 10.1128/JVI.02083-19	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13件（うち招待講演 5件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 浦山俊一・布浦拓郎
2. 発表標題 二本鎖RNAシーケンシングによるRNAウイルス研究の新展開
3. 学会等名 第22回日本進化学会（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 千葉悠斗・老木紗代子・矢口貴志・浦山俊一・萩原大祐
2. 発表標題 菌類RNAウイルスの持つゲノム構造多様性の探索
3. 学会等名 ウイルス学若手研究集会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 浦山俊一・辻典子
2. 発表標題 食品中の共生ウイルス
3. 学会等名 日本食品免疫学会1回オンラインシンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 浦山俊一
2. 発表標題 環境ウイルス生態学 自然界の生物に潜むウイルスのはなし
3. 学会等名 第19回みちのくウイルス塾（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 浦山俊一・二宮章洋・千葉悠斗・池田彩乃・趙彦杰・老木紗予子・萩原大祐
2. 発表標題 真菌細胞内で“家畜化”されたウイルス
3. 学会等名 第94回日本細菌学会総会（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Chiba Yuto・Yaguchi Takashi・Urayama Syun-ichi・Hagiwara Daisuke
2. 発表標題 RNA virus diversity in <i>Aspergillus</i> species revealed by FLDS, a comprehensive non-retro RNA virus surveillance method
3. 学会等名 Asian Mycological Congress（国際学会）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 千葉悠斗・浦山俊一・矢口貴志・萩原 大祐
2. 発表標題 <i>Aspergillus fumigatus</i> とその関連種に潜伏するRNAウイルスの網羅的な探索
3. 学会等名 第40回関東医真菌懇話会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 千葉悠斗・浦山俊一・矢口貴志・萩原 大祐
2. 発表標題 FLDS法によるヒト病原糸状菌に潜伏するRNAウイルスの網羅的探索
3. 学会等名 第19回糸状菌分子生物学コンファレンス
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Urayama Syun-ichi
2. 発表標題 RNA virus diversity in sea water and hot springs.
3. 学会等名 ウイルス情報解析ワークショップ
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 浦山俊一
2. 発表標題 生態系構成要素としてのウイルスを考える-糸状菌に潜むマイコウイルスを例に-
3. 学会等名 筑波大学 糸状菌相互応答学シンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 浦山俊一・高木善弘・福田真嗣・布浦拓郎
2. 発表標題 FLDS法の適用によるヒト糞便RNAウイルスメタゲノム解析
3. 学会等名 第66回日本ウイルス学会学術集会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 千葉悠斗・浦山俊一・矢口貴志・萩原大祐
2. 発表標題 Aspergillus section Fumigati 単離株を用いた RNA ウイルスの探索
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 千葉悠斗・浦山俊一・矢口貴志・萩原大祐
2. 発表標題 Aspergillus fumigatus とその近縁種に潜伏する RNA ウイルスの網羅的な探索
3. 学会等名 第13回日本ゲノム微生物学会年会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

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	高木 善弘 (Takaki Yoshihiro) (10399561)	国立研究開発法人海洋研究開発機構・超先鋭研究開発部門(超先鋭研究プログラム)・主任研究員 (82706)	
研究分担者	浦山 俊一 (Urayama Syun-ichi) (50736220)	筑波大学・生命環境系・助教 (12102)	

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
---------	---------