

「シングルゲノム情報を用いた水圏ファージ-宿主間の相互作用解析」

研究期間：2020年10月～2023年3月

研究者：西川 洋平

加速フェーズ期間：2023年4月～2024年3月

1. 研究のねらい

ウイルス(主にバクテリオファージ)は地球上で最も豊富な生命体(様物質)として知られ、宿主となる原核生物への感染と溶菌を通じて、地球上の物質循環に直接/間接的に関与している。また、ウイルスゲノムを宿主に取り込ませる(溶原化)ことによって宿主の代謝活性に影響を与え、細菌の遺伝的多様性の形成に関わっている。ウイルスはまた、水圏環境において高密度($10^7 \sim 10^8$ 個/mL)に分布しており、主要な可動遺伝因子の一つとして、様々な遺伝子の伝播に関わっていることが知られている。こうした環境ウイルスの機能解明に向け、主にショットガンメタゲノム解析を用いて、ウイルスゲノムを対象とした解析が精力的に進められている。

一方で、これまでに取得されたウイルスのゲノム情報は全体のごく一部に限られており、環境ウイルスの多様性や機能は大部分が未解明である。この理由として、ウイルスゲノムは細菌に比べて遺伝子の変異や組み換えが頻繁に発生するため、配列のアセンブリなどの工程において、モザイク性の高い領域が欠落してしまうことが大きな要因であるとされている。また、メタゲノム解析に代わる手法として、セルソーターを用いてウイルス粒子を分取し、個別にゲノム解析を行う手法(Single virus genomics 手法)が提案されている。しかしながら、ナノメートルサイズのウイルス粒子をセルソーターによって効率的に分取することは技術的に困難であり、配列取得の効率やスループットには課題が残されていた。

そこで本研究では、ピコリットル容量の微小液滴を反応場として活用することにより、一本鎖および二本鎖 DNA ウイルス 1 粒子のゲノム情報を、個別に解析することのできる新たなゲノム解析技術を開発することを目標とした。また、開発した手法を河川環境に応用することにより、河川水中の未知ウイルスのゲノムデータベースを拡充するとともに、ウイルス間の遺伝子伝播に関する解析を試みた。さらに、ウイルスの宿主となる細菌のゲノム情報からウイルス様配列を検出することにより、ウイルス-細菌間の相互作用をシングルセルレベルで明らかにすることを目標とした。

本研究の目標達成に向け、①モデルウイルスを用いた 1 粒子ゲノム解析手法の開発、②河川水サンプルを用いたウイルスゲノムの取得・解析、③ウイルス・細菌ゲノムの大規模取得・解析、の 3 項目に分けて研究を進めた。

加速フェーズでは、河川水より獲得されたウイルスゲノムの解析を継続して実施するとともに、河川水以外の(ウイルス粒子の分画が難しい)環境にも、開発した技術の適用を可能にすることにより、1 粒子ゲノム解析の有用性を広く示すことを目的とした。また、時間軸・空間軸を取り入れたウイルス 1 粒子のゲノム解析を行うことによって、ウイルス叢の経時変化と環境への影響を評価することを目的とした。これらの目的の達成に向け、ウイルスゲノム解析の対象を海水、土壌へと拡張し、多様な環境からのウイルス画分の調製方法の検討とゲノム情報の取得を進めた。

海水を対象としたウイルスゲノムの解析では、駿河湾の複数地点・水深・季節から海水を取得し、ウイルスゲノムの解析を実施した。塩基配列の相同性に基づくクラスタリングにより、異なる地点や水深、採取時期におけるウイルスの分布を評価した。また、同時に取得した細菌由来のシングルセルゲノム情報からウイルス配列を検出することにより、ウイルスの宿主域を評価する解析を実施した。また、土壌を対象としたウイルスゲノムの解析では、ダイズの根圏土壌に存在するウイルスのゲノム解析に向け、ウイルス画分の調製方法およびDNA消化(DNase処理)の条件を検討した。ダイズの成長段階に伴って根圏ウイルスのゲノム配列を取得し、根圏ウイルス叢の変動を評価するためのデータを取得した。

2. 研究成果

(1) 概要

本研究では、一本鎖および二本鎖 DNA ウイルス 1 粒子を対象とした、高精度かつハイスループットなゲノム解析手法を開発し、水圏環境中のウイルスを対象とした解析によって、環境ウイルスのゲノム多様性を明らかにした。

まず、粒径 30 μm のアガロース製の微小液滴内にウイルス粒子を封入し、個別に全ゲノム増幅を行う手法を開発した。本手法では、液滴内で個々のウイルスゲノムを増幅した後、蛍光色素を用いて DNA の増幅を検出し、セルソーターによって液滴を分取する。原理検証として、実験室環境下で調製したウイルス粒子を用いて 1 粒子レベルでのゲノム解析を行ったところ、粒子ごとの配列情報が夾雑することなく個々の液滴内で増幅されることが明らかとなった。また本手法では、一度に 10^5 個以上のウイルス粒子を対象としたゲノム増幅が可能であり、目標とする高精度かつハイスループットなゲノム解析手法を構築することができた。

次に、神田川の河川水中ウイルスを対象としたゲノム解析を行い、1400 個を超えるウイルス配列を獲得した。これらの配列は、従来のメタゲノム解析では構築できない存在量の少ないウイルスや、配列多様性の高いウイルスの情報を多く含んでおり、1 粒子ゲノム解析によって未知ウイルスゲノムの拡充が可能であることが示された。さらに、同種のウイルス配列間におけるゲノム構造の多様性を解析することにより、ウイルスのゲノム情報が粒子レベルで多様化していることを明らかにした。以上の成果は、現在論文投稿に向けて準備を進めている。

以上の解析に加え、海水からのウイルス粒子のゲノム解析にも着手し、当初の予定を大きく上回る累計 6,000 個以上の新規ウイルス配列の獲得に至った。また、細菌 1 細胞由来のゲノム情報からウイルス配列を検出することにより、多様な細菌系統に対して感染能を有する新規ウイルス配列を検出した。以上の成果は論文として *ISME communications* に発表した。

加速フェーズでは、河川水ウイルスゲノムの解析を継続するとともに、海水、土壌ウイルスを対象とした解析を進めることによって、1 粒子ゲノム解析の有用性を広く示すことを目的とした。

河川水を対象とした解析では、2022 年度までに獲得した配列を用いて遺伝子の水平伝播に関する解析を進めた。

海水を対象とした解析では、駿河湾の 3 地点を対象として、表層から水深 1000 m までの海水を回収し、河川水と同様の手法を用いてウイルス粒子の濃縮とゲノム解析を実施した。これまでに累計 2300 個を超える Medium-quality または High-quality (ゲノム情報の 50%以上を含むと予測された配列)のウイルス配列が獲得されており、年度内に 3000 個を達成する見込みである。獲得したウイルス配列の分布を評価した結果、97.6%のウイルス種は、1つの地点・水深・採取時期においてのみ検出されることが明らかとなり、海洋におけるウイルスの多様性が明らかとなった。

土壌を対象とした解析では、ダイズの根圏を対象としたウイルス画分の調製方法を検討し、当初の想定よりも微量な土壌画分からウイルス配列の獲得を可能にした。これにより、

根圏土壌(根から数ミリ圏内の土壌)に加え、根表面土壌(根に物理的に接着した土壌)からもウイルス配列の獲得を可能とした。ダイズの成長4段階において、根圏土壌および根表面土壌からのゲノム増幅を行い、これまでに8000個を超えるウイルス配列を獲得した。また、得られたウイルス配列の遺伝子保有ネットワーク解析により、植物体からの距離および成長段階ごとに特有のウイルス叢が形成されている様子が確認された。

(2) 詳細

①モデルウイルスを用いた1粒子ゲノム解析手法の開発

2種類の異なるDNAを搭載したウイルス粒子を調製し、モデルとして用いた。2種類のウイルスを混合したアガロース溶液を調製し、マイクロ流体デバイスを用いて粒径30 μmの微小液滴を作製した。これにより、ウイルス粒子を個々の液滴内に個別に封入した。液滴内でウイルス粒子の溶解および全ゲノム増幅を実施した後、セルソーターを用いてDNAが増幅された液滴の分取を行い、次世代シーケンサーによる配列解析を実施した。なお本研究では、アガロースの濃度およびウイルス粒子の溶解手法の検討を行うことにより、高精度な配列情報の取得を可能にした。全ゲノム増幅後の液滴に対してDNA結合性色素を加えたところ、増幅したDNA由来の蛍光が確認された。また配列解析の結果、液滴内において2種類の配列が夾雑することなく、高精度なゲノム増幅が可能であることが確認された。

②河川水サンプルを用いたウイルスゲノムの取得・解析

本項目は、当初の研究スケジュールを一部前倒して遂行した。神田川から河川水を採取し、ウイルス粒子を濃縮した。比較対象として、濾過液からのショットガンメタゲノム解析を実施した。電子顕微鏡を用いたウイルス濃縮液の観察により、直径数百nmの粒子が確認された。ウイルス濃縮液に対して微小液滴を用いたゲノム増幅を行い、1400個を超えるウイルス配列(viral single amplified genomes: vSAGs)を検出した。一方で、同程度の配列情報を取得したショットガンメタゲノム解析では、構築されたウイルス配列(viral metagenome assembled genomes: vMAGs)の数は100個に留まった。以上の結果から、1粒子ゲノム解析により、従来のメタゲノム解析に比べてハイスループットかつ高効率に新規ウイルスのゲノム情報が取得できることが示された。さらに、得られたウイルス配列について詳細な解析を行うことにより、同種と判定されるウイルスゲノム間においても保有する遺伝子のパターンに多様性があることが明らかとなった。本成果については現在論文投稿準備中である。

(加速フェーズ)獲得された配列を用いて、遺伝子の水平伝播に関する解析を実施した。まず、タンパク質の保有状況に基づいてクラスタリングを行うツールであるViPTreeを用いてウイルス配列の系統樹を作成したところ、系統樹の並びと、VCごとの分類の並びが一致することが確認された。一方で、ある代謝補助遺伝子Aについて、配列相同性をもとに系統樹を作成したところ、系統樹の並びと、VCごとの分類の並びが一致しなかった。この結果は、ウイルス分化の系統と遺伝子Aの変異の発生パターンが一致していないことを示しており、個々のウイルスがVCレベルで分化した後に、水平伝播によって遺伝子Aを獲得した可能性を示唆している。以上の結果から、1粒子ゲノム解析によってウイルス間の遺伝子の水平伝播が追跡できる可能性が示唆された。

③ウイルス・細菌ゲノムの大規模取得・解析

③-1. 多様な環境から取得された細菌 1 細胞ゲノム情報からのウイルス様配列の探索

本項目は、項目①、②と並行する形で研究を進め、*ISME communications* での成果報告に至った。紅海およびその周辺の多様な環境（海水、海泥、土壌、土漠を含む）から取得した 734 個の 1 細胞ゲノム情報を対象にウイルス様配列を検出し、91%が新規と推定される 303 個のウイルス様配列を獲得した。遺伝子の保有パターンに基づいて VC への分類を行った結果、40 個の VC が獲得された。同一 VC に分類された配列に着目し、配列が検出された宿主細菌の系統やサンプルの採取地点を紐付けて解析することにより、ウイルス配列の地理的分布および宿主域の広さを評価した。これにより、複数の細菌系統や異なる環境に共通して検出されるウイルス様配列の存在が明らかとなり、環境や宿主系統を超えて紅海周辺の環境に幅広く分布するウイルス様配列の存在が示唆された(図 1)。

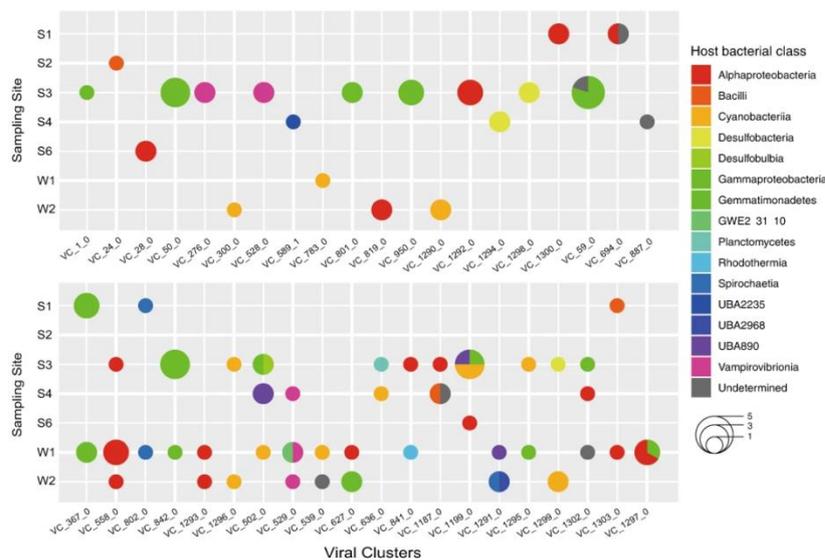


図 1 異なる環境や細菌系統に共通して検出されるウイルス様配列

177 のウイルス様配列を含む 40 個のウイルスクラスターの分布。上段は、1 種の環境において 1 種の細菌系統(クラスレベル)から検出された 20 個の VC を示している。下段左側の 19 個の VC は、複数の環境から検出された VC を示し、下段右側の 14 個の VC は、複数の細菌系統から検出された VC を示す(複数の環境かつ複数の細菌系統から検出された VC は 13 個)。(Nishikawa et al., *ISME Communications*, 2022)

③-2. 駿河湾海水を対象とした細菌・ウイルスの大規模ゲノム解析

本項目は、発展的課題の位置づけとして第二年度より検討を開始し、現在解析を進めている。河川水以外の環境サンプルへのウイルス 1 粒子解析の応用例として、駿河湾の複数地点・複数水深から取得された海水を対象としてゲノム解析を実施し、これまでに累計 4,600 個以上のウイルス配列を取得した。また駿河湾の海水からは、ACT-X とは異なるプロジェクトにおいて、これまでに細菌 1 細胞ゲノム情報の蓄積を行っており、累計 9,000 個を超える細菌ゲノム情報の獲得に至っている。そこで、細菌のゲノム情報に対し、本研究で獲得したウイルス配列を参照することにより、海洋環境において溶菌サイクル(宿主への感染と溶解を

繰り返している状態)にあるウイルスの検出を試みている。これらの配列を詳細に解析することにより、ウイルス-宿主間の相互作用に関わる新たな知見の獲得を試みる。

(加速フェーズ)駿河湾の3地点を対象として、表層から水深1000 mまでの海水を複数期間に回収し、河川水と同様の手法を用いてウイルス粒子の濃縮とゲノム解析を実施した。ウイルスゲノムの完全性を評価するツールである CheckV を用いて、得られた配列の品質を評価した結果、これまでに累計2320個の Medium-quality または High-quality (ゲノム情報の50%以上を含むと予測された配列)の vSAG が獲得された。これまでに獲得された配列情報をもとにウイルスの系統を解析した結果、vSAG の98.4%は二本鎖DNAウイルスであり、94.6%は既存のデータベースに記載のない新種配列であると判定された。また、塩基配列の相同性に基づいて種レベル(vOTU: viral operational taxonomic unit)でのクラスタリングを実施した結果、1026個のvOTUが検出された。

次に、ACT-Xとは異なるプロジェクトにおいて獲得された約10000個の細菌由来のシングルセルゲノム情報を参照することにより、今回獲得されたvSAGと、細菌ゲノム上のウイルス配列との紐づけを行った。5000 bp以上の配列一致が見られる領域を選抜した結果、261個のvSAG配列が104個の細菌シングルセルゲノムと紐付けられた。この内、約8割のvSAGは、海洋に最も豊富に存在するとされる SAR11 clade 細菌のゲノム情報と紐付けられた。

④その他、特記事項

- ACT-Xでの研究をもとに、マリンバイオテクノロジー学会、日本分子生物学会のワークショップで招待講演を行った。また、研究成果の発信を積極的に実施し、ACT-Xの研究期間内に論文発表を2件、学会発表を21件、書籍の執筆を3件(分担執筆)行った。
- 上記の学会発表を通じて新たな共同研究へとつながっており、現在複数件の共同研究を進めている。また、科研費等での予算獲得にもつながっている。
- ACT-X研究領域内で研究者ネットワークを構築し、複数の研究者と共同研究に向けた取り組みを進めている。

⑤ダイズ根圏土壌を対象としたウイルスの大規模ゲノム解析(加速フェーズ)

土壌中のウイルス粒子のゲノム解析に向け、微量な土壌からのウイルス画分の調製方法を検討した結果、当初の予定よりも少ない約0.2 gの土壌からウイルスゲノムの獲得が可能であることが示唆された。これにより、根圏土壌に加え、回収できる土壌の量が少ない根表面土壌(根に物理的に接着した土壌)についてもウイルスゲノムの解析が可能となった。

上記の検討を踏まえ、4つの成長段階(3葉期、5葉期、開花期、登熟期)において採取されたダイズ株を対象として、根圏土壌および根表面土壌からのウイルス粒子のゲノム情報の取得を行い、累計8000個を超えるvSAGが取得された。得られた配列を用いて遺伝子保有ネットワーク解析を実施した結果、植物体からの距離および成長段階ごとに特有のウイルス叢が形成されている様子が確認された。今後、ウイルス叢の変動情報および宿主細菌との配列情報の紐づけを行うことによって、根表面土壌の細菌叢形成に寄与するウイルスの特定を試みる。

3. 今後の展開

本 ACT-X での研究成果により、環境中の一本鎖および二本鎖 DNA ウイルスを対象とした、高精度かつハイスループットなゲノム解析手法が確立された。これにより、従来までのメタゲノム解析では取得が困難であった多様な系統のウイルスゲノムが獲得され、ウイルス間での遺伝子伝播などを詳細に明らかにすることができた。さらに現在、発展的課題として、水圏以外の環境からのウイルス配列の取得を進めるとともに、RNA ウイルスデータベースの拡充に向けた取り組みを開始している。

今後は上記の研究を通じ、環境中の未知ウイルスのゲノム情報を蓄積するとともに、有用ウイルスの機能をつールとして活用することによって、ウイルス機能を用いて細菌(あるいは様々な環境)の制御を可能とする技術の開発に展開したいと考えている。近年、ウイルスの製剤化を目指した様々な取り組みが行われている一方で、現行の技術では、宿主細菌がウイルスへの耐性を獲得することや、目的外の有害遺伝子が伝播するなどのリスクが報告されており、ウイルスのツールとしての実用化には課題が残されている。こうした課題を克服し、ウイルスの機能を効果的かつ安全に活用するためには、環境ウイルスゲノムのビッグデータが必要になると考えられる。そこで、多様な環境からウイルスゲノムを蓄積して比較解析を行うことにより、ウイルス宿主域の決定機構や、宿主細菌に導入される遺伝子の機能を明らかにするとともに、新規ウイルスの機能を実環境下における細菌制御へと応用することを目指す。

(加速フェーズ実施後追記)

加速フェーズでの取り組みにより、新たに土壌ウイルスを対象として1粒子ゲノム解析を可能にするサンプルの調製方法が確立された。これにより、ウイルス以外の微粒子の混入リスクが高い環境サンプルにおいても、ハイスループットにウイルス配列を獲得することが可能となった。現在、獲得されたウイルス配列に対して、保有する遺伝子の機能解析や宿主細菌系統との紐付けを行っており、得られた成果を論文として発表する予定である。

土壌ウイルスのゲノム解析では、土壌の処理プロセスの最適化により、解析に必要な土壌の量を削減することができ、根圏土壌に加えて根表面土壌のウイルス叢の解析を行うことが可能となった。合わせて、ウイルス配列情報の取得コストを低減したことにより、2種類(根圏土壌、根表面土壌)の土壌を対象として、経時的にウイルス配列を取得することができた。土壌の微小な領域におけるウイルス叢の変遷データはこれまでの研究で報告されておらず、今回取得されたデータは根表面の細菌叢とウイルスとの相互作用を評価する上でも重要な情報を提供すると考えられる。これらの情報を活用することにより、今後は、根表面土壌中のウイルスを活用した土壌細菌叢の制御に向けた、新たな取り組みを開始したいと考えている。

4. 自己評価

【研究目的の達成状況】 研究開始時に設定した研究スケジュールの全ての項目に対し、「予定通り」あるいは「予定を前倒し」して計画を進行させることができた。COVID-19 の流行によって、特に研究期間前半においてサンプリングの機会が制限されることとなったが、モデルウイルスを用いた検証を進めるとともに、サンプリング1回あたりの配列情報の取得数を増やすことによって、十分量のデータを獲得することができた。これにより、当初の予定を上回る6,000個以上の環境ウイルスのゲノム情報を取得することができた。また、発展的課題として



新たに項目を追加して取り組みを始めており、一部の項目については期待した成果がすでに得られている。

【研究の進め方(研究実施体制及び研究費執行状況)】 研究データの収集・解析において、所属する研究室の学生 2 名(最終年度は 1 名)とともに研究を進めた。この内 1 名については、本研究によって取得された配列情報を活用し、ウイルス 1 粒子由来のゲノム情報に特化した、効率的なウイルス配列の解析手法の構築を独自に進めている。また、研究費の執行については概ね当初の予定通りに支出を行い、1 サンプルあたりに取得する配列情報のデータ量を最適化することにより、当初の予定を上回る数の配列情報の取得に繋がった。

【研究成果の科学技術及び社会・経済への波及効果】 ウイルス 1 粒子のゲノム解析手法の開発により、水圏環境において当初の想定以上に多様な未知ウイルス叢が形成されていることが明らかとなった。本手法は、未知ウイルスのゲノム情報の拡充において有用であり、本研究で開発した手法が、今後の環境 DNA ウイルスのゲノム解析手法の主流となることを確信している。また、水圏以外の環境を対象としたゲノム解析データについても、現在 2 報の論文投稿にむけて準備を進めている。さらに、細菌ゲノムからウイルス配列を検出することによって宿主域の広いウイルス配列の検出を可能とし、論文発表に至った。これら未知ウイルスの配列情報は、有用な機能遺伝子を含んでいると考えられ、今後の研究展開に向けた、事前検討を行うことができた。また、ウイルスのゲノム解析技術を応用した共同研究が複数件スタートしており、研究期間の終了後も、長期間にわたって研究の発展が期待できるネットワークを構築することができた。

(加速フェーズ実施後追記)

加速フェーズでは当初の予定通り、ウイルス以外の微粒子の混入リスクが高い土壌サンプルを対象として、微小液滴を用いた 1 粒子ゲノム解析によりハイスループットなウイルス配列の獲得を可能とした。また、ウイルス配列情報の取得コストの低減により、当初の予定の 2 倍量にあたる 10000 個以上のウイルス配列を獲得した。一方、当初の予定では、土壌ウイルスを対象とした配列情報の取得を行った後、得られた配列についての解析を進める予定であったが、今年度はダイズの生育の遅れが見られたため、配列情報の解析については遅れが発生した。そこで、これまでに取得した海水由来のウイルス配列について、採取時期や水深に着目した解析を進め、ウイルス配列の分布に関する知見を得ることができた。

また成果の公表については、論文および著書の執筆によって、自身の研究成果を示すことができた。さらに、Web セミナーでの講演や展示会での出展、学会シンポジウムでの発表など、様々な形態にて自身の研究成果を発表する機会を持つことができた。これらを介して、ACT-X 内外での共同研究が複数件スタートしており、外部資金の申請・獲得に至っている。今後も、これらの共同研究を広く推進するとともに、自身の研究テーマである「ウイルス機能を活用した細菌あるいは環境の制御」の達成に向けた取り組みを進めていきたいと考えている。

5. 主な研究成果リスト

(1) 代表的な論文(原著論文)発表



研究期間累積件数:1件

研究期間累積件数:2件(加速フェーズ実施後更新)

1. Nishikawa, Y., Kogawa, M., Hosokawa, M. et al. Validation of the application of gel beads-based single-cell genome sequencing platform to soil and seawater. ISME COMMUN. 2, 92 (2022).

微小液滴作製技術を応用した 1 細胞ゲノム解析技術を新たに開発し、紅海およびその周辺の多様な環境から、合計 734 個の 1 細胞ゲノム情報を獲得した。1 細胞ごとのゲノム情報比較により、海洋性 *Rhodobacter* 細菌の株レベルのゲノム多様性を明らかにした。また、細菌ゲノムからウイルス配列を検出することによってウイルス-宿主細菌の紐付けを可能とし、多様な環境あるいは宿主系統に広く分布するウイルス配列の存在を明らかにした。

2. Hosokawa, M., Nishikawa, Y., Tools for microbial single-cell genomics for obtaining uncultured microbial genomes, Biophysical Reviews (2023). <https://doi.org/10.1007/s12551-023-01124-y>

微生物のゲノム解析において広く行われているメタゲノム解析は、微生物集団全体の平均的な情報を獲得するためのバルク解析技術であるといえる。一方で、微生物集団の不均質性をより深く理解するためには、真核細胞での研究と同様に、シングルセルレベルで解析を実施する必要がある。ここでは、環境微生物およびウイルスのシングルセルゲノム解析技術の最先端を要約し、これらの技術が微生物の生態や機能の理解に与える影響を概説した。

* 加速フェーズ実施の成果

(2) 特許出願

研究期間全出願件数:0件(特許公開前のもも含む)

(3) その他の成果(主要な学会発表、受賞、著作物、プレスリリース等)

- (著作物)海の生物と環境をどう守るか, 第2部-3: 海洋遺伝資源の利活用の進展(分担執筆), 2022年10月11日
- (展示会発表)環境細菌・ウイルスを対象とした1細胞・1粒子レベルのゲノム解析技術の開発と応用, 第4回 ファーマラボ EXPO, 2022年7月13日
- (学会発表)Microfluidic droplet-based single-cell genome sequencing reveals biological diversities of environmental microbiome in the surrounding area of the Red Sea, The 2020 International Chemical Congress of Pacific Basin Societies (Pacifichem 2020), 口頭発表, 2021年12月17日
- (学会発表)Microfluidic droplet-based single-cell genomics in aquatic and marine environments for revealing microbial and phage diversity., 2021 AFOB virtual conference, 招待講演, 2021年11月3日
- (学会発表)Single-cell Genomics of River Water Microbiomes for Revealing the Distribution of Mobile Genetic Elements, World Microbe Forum 2021, ポスター発表, 2021年6月21日
- (展示会発表)微生物・ウイルスを対象としたシングルセルゲノム解析, BioJapan2023,

2023 年 10 月 11-13 日 ※加速フェーズ実施の成果

- (学会発表)環境細菌・ファージの機能解明に向けた 1 細胞・1 粒子ゲノム解析技術の開発と応用, 日本微生物生態学会第 36 回浜松大会, シンポジウム口頭発表, 2023 年 11 月 28 日 ※加速フェーズ実施の成果
- (学会発表)Large-scale single-genome sequencing of microbes and bacteriophages in Suruga Bay, Japan, 13th Asia Pacific Marine Biotechnology Conference (APMBC), 口頭発表, 2023 年 10 月 3 日 ※加速フェーズ実施の成果
- (学会発表)シングルゲノム解析を用いた駿河湾海域に生息するファージの多様性・宿主域の網羅解析, 第 23 回マリンバイオテクノロジー学会大会, 口頭発表, 2023 年 5 月 27 日 ※加速フェーズ実施の成果
- (Web セミナー)環境中の未知微生物・ウイルスを対象としたシングルセルゲノム解析技術の開発と応用, Web セミナー, 2023 年 6 月 15 日 ※加速フェーズ実施の成果