

一酸化炭素資化菌と水圏ウイルスの分子生物学的研究
Molecular biology of carboxydrotrophs and aquatic viruses

京都大学 農学研究科 応用生物科学専攻 吉田 天士

原核生物が行うニッケル含有一酸化炭素デヒドロゲナーゼ (Ni-CODH) による一酸化炭素 (CO) 代謝は、CO および二酸化炭素 (CO₂) を用いた炭素・エネルギー代謝を駆動するため進化研究にも応用研究にも重要な酵素反応である。Ni-CODH はそのアミノ酸配列情報から 7 グループに分類することができる。Ni-CODH が含まれる遺伝子クラスターの解析からそれぞれのグループが有する生理学的意義は異なると考えられているが、それらがどのような環境で利用されているかこれまで不明であった。そこで、スーパーコンピュータシステムを利用したゲノムデータベースの網羅的解析により、各生物圏におけるNi-CODHの分布パターンを明らかにした。その結果、既知のグループに属さない第 8 の Ni-CODH グループを検出することができた。また、Ni-CODH は多様な生物圏に存在するがその分布パターンは一様ではなく、生体内からより多く検出される Ni-CODH グループが存在するなど Ni-CODH グループの分布は生物圏によって異なることが明らかになった。加えて、Ni-CODH を有する原核生物分類群が各生物圏で有意に異なったことから、Ni-CODH の一様でない分布パターンは Ni-CODH を有する原核生物が特定の生物圏に分布することによって生じていると考えられた。

水圏ウイルスは、微生物への感染を通じて微生物群集組成の動態や代謝に多大な影響を与える。そのため水圏ウイルスの分布パターンの解明は地球規模の物質循環をモデル化する上で重要である。そこで大阪湾における数十キロメートル規模での密なサンプリングを行い、微生物群集と水圏ウイルスのメタゲノム解析を同スーパーコンピュータシステムにより行った。その結果、宿主微生物の分布パターンは水圏ウイルスの分布パターンと類似しており、宿主の分布パターンにより水圏ウイルスの分布が制限されていることが示唆された。水圏ウイルス組成の類似性は距離依存的に低下し、十数キロメートル離れただけでも水圏ウイルスの組成は種レベルで異なっていた。すなわち、水圏ウイルスの分布パターンはこれまで考えられてきた以上に局所的であり、海流などによる均一化よりも局所性を発生させる要因による影響が大きいことが明らかになった。水圏ウイルスゲノムにおける種内多様性解析を行ったところ、いずれのサンプリング地点でも、同一ゲノム領域に配列多様性が生じていた。加えて、配列多様性があるゲノム領域には、感染などの宿主との相互作用に関わるタンパク質がコードされていた。このことから、宿主との相互作用を通じた軍拡競争により、個体群に相当する種内多様性が局所的に発生している可能性が示唆された。

発表論文(謝辞あり)

Biome-specific distribution of Ni-containing carbon monoxide dehydrogenases
(2022) *Extremophiles.*, 26, 9