

DNA 配列空間に新規機能を予測する情報技術および  
一酸化炭素デヒドロゲナーゼ保有微生物の分子生態  
Prediction of unknown function of proteins in sequence space and  
molecular ecological studies of carbon monoxide dehydrogenase

東京大学 大学院新領域創成科学研究科 先端生命科学専攻 岩崎研究室 大前 公保

### 研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し、DNA 配列空間に新規機能を予測する新たな情報技術の確立を目指す。これまでのところ、公開ゲノムデータベースより延べ 18,000 件の高品質な原核生物ゲノム情報を取得し、大規模な比較ゲノム解析、および各種タンパク質機能データベースとの紐づけを行った。また、全系統において遺伝子の存在パターンを網羅的に解析することで、相同性検索に依らずに機能未知遺伝子の機能推定を行った。今後は解析結果をさらに分析するとともに、あらゆるユーザーがアクセスできるデータベースとして公開できるように準備を進める予定である。

一方、一酸化炭素 (CO) デヒドロゲナーゼ (CODH) は CO 酸化と CO<sub>2</sub> 還元を可逆的に触媒する酵素であり、様々な酸化還元酵素と共役することでエネルギー保存 (CO 酸化) や CO<sub>2</sub> 固定 (CO<sub>2</sub> 還元) に関与する。CODH を保有する原核生物は環境中での有毒な CO の除去や炭素循環に寄与することで生態学的に重要であると考えられている。本研究では水素生成と共役した CO 酸化を担う一部の系統の CODH を次世代シーケンサーによって高精度かつ高感度に検出する手法を新たに開発し、陸上温泉から未培養の新種を含む複数種の水素生成型 CO 酸化菌を検出することに成功した。また、公開データベース上の分離株ゲノムおよびメタゲノムから同定した ~8,600 配列の CODH のクラスタリングと系統分類を行うことで、CODH が哺乳類との共生系や水圏などの幅広い環境に分布する一方で、一部の系統では哺乳類共生系に著しく偏って分布することを明らかにした。

### 発表論文(謝辞あり)

Omae K., Oguro T., Inoue M., Fukuyama Y., Yoshida T., Sako Y. Diversity analysis of thermophilic hydrogenogenic carboxydrotrophs by carbon monoxide dehydrogenase amplicon sequencing using new primers. *Extremophiles*, 25, 61-67 (2021)

Inoue M., Omae K., Nakamoto I., Kamikawa R., Yoshida T., Sako Y. Biome-specific distribution of Ni-containing carbon monoxide dehydrogenases. *Extremophiles*, in press (2022)