

ゲノム・メタゲノム情報を利用した新奇微生物酵素の探索
Genomic and metagenomic survey of novel microbial enzymes

立命館大学 立命館グローバル・イノベーション研究機構 井上 真男

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たバイオインフォマティクス解析によって、微生物の新たな酵素遺伝子群の探索や分類、構造機能予測を行うことを目的とし、以下の2つの研究を行った。

(1) 微生物に一酸化炭素利用能を付与し、エネルギー・炭素代謝に関与する一酸化炭素デヒドロゲナーゼについて、NCBI RefSeq、EMBL-EBI MGnify、および GTDB データベースを用いることで、その配列多様性と分子系統、微生物分類群、周辺遺伝子群の機能、生物圏分布の関係を明らかにした。その結果、本酵素遺伝子が水圏、人工、多様な微生物叢に幅広く存在するが、その系統は生物圏によって偏っていることが明らかになったほか、本酵素系統が代謝経路ではなく微生物叢の組成によって決定されることが示唆された。

(2) 地球化学的な硫黄・セレン循環に関与すると予想されるユニークな代謝を行う新種細菌の完全長ゲノム配列を決定した。本代謝の鍵酵素遺伝子群や転写調節因子遺伝子群を同定し、微生物ゲノムにおける系統分布を明らかにした。さらに、次世代立体構造予測プログラム AlphaFold2 や RoseTTAFold を用いることで、これらのタンパク質群の構造機能予測を行い、本代謝経路を予測することに成功した。また、本株ゲノムのほかにも複数株について完全長ゲノム配列を決定しており、現在これらを含めてゲノム・メタゲノムデータベースを用いた新奇酵素遺伝子群の探索と実験的な機能解析を行っている。

発表論文(謝辞あり)

1. 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).

発表論文(謝辞なし)

1. Shimizu A., Tobe R., Aono R., Inoue M., Hagita S., Kiriyama K., Toyotake Y., Ogawa T., Kurihara T., Goto K., Prakash NT., Mihara H. Initial Step of Selenite Reduction via Thioredoxin for Bacterial Selenoprotein Biosynthesis. *Int. J. Mol. Sci.* **22**, 10965 (2021).
2. Inoue M., Hirose Y., Tobe R., Saito S., Aono R., Prakash NT., Mihara H. Complete Genome Sequence of *Pseudomonas stutzeri* Strain F2a, Isolated from Seleniferous Soil. *Microbiol. Resour. Announc.* **10**, e00631-21 (2021).