

微生物ゲノム情報を利用した新奇代謝遺伝子群の探索

Exploration of novel metabolic genes using microbial genomic information

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、微生物の新たな代謝遺伝子群の探索や分類を行い、これらの構造や機能を明らかにすることを目的とした。今年度の主な研究成果を以下に示す。

(1) 地球化学的な硫黄・セレン循環を駆動する複数の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、AlphaFold2 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った。精製酵素や遺伝子組換え株を用いた機能解析によって本代謝経路を明らかにした。(2) 複数の細菌・アーキア株について、硫黄・セレン化合物に対する網羅的な転写応答を RNA シーケンスによって明らかにした。(3) 新奇呼吸酵素複合体遺伝子群について微生物ゲノム分布を明らかにしたほか、酵素複合体の AlphaFold2 予測構造から立体構造の多様性と分子進化に関する知見を得た。(4) 一酸化炭素を酸化し水素を生成する微生物について、環境試料から新属を含む5つのメタゲノムアセンブルゲノムを構築することに成功した。

発表論文(謝辞あり)

1. Nishida S., Omae K., **Inoue M.**, Sako Y., Kamikawa R., Yoshida T. Construction of multiple metagenome assembled genomes containing carbon monoxide dehydrogenases from anaerobic carbon monoxide enrichment cultures. *Arch. Microbiol.* **205**, 292 (2023).
2. Imaura Y., Okamoto S., Hino T., Ogami Y., Katayama Y.A., Tanimura A., **Inoue M.**, Kamikawa R., Yoshida T., Sako Y. Isolation, Genomic Sequence and Physiological Characterization of *Parageobacillus* sp. G301, an Isolate Capable of Both Hydrogenogenic and Aerobic Carbon Monoxide Oxidation. *Appl. Environ. Microbiol.* **89**, e00185-23 (2023).

発表論文(謝辞なし)

1. Nishida S., Suzuki J., **Inoue M.**, Kamikawa R., Yoshida T. Draft genome of *Parageobacillus thermoglucosidasius*, a member of hydrogenogenic carbon monoxide utilizers, isolated from a freshwater lake sediment. *Microbiol. Resour. Announc.* **13**, e00795-23 (2024).