

生命システム進化の法則解明・未来予測

Pattern detection and future prediction of biological system evolution

東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻古澤力研究室 今野 直輝

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、原核生物の遺伝子獲得/欠失による進化がどれだけ予測可能なのかを定量的かつ網羅的に明らかにする解析手法の構築を行っている。本年度は、ゲノムの顕著な収斂進化を示す2系統のフルクトゼリク乳酸菌 (FLAB) に着目し、ゲノム進化解析によって、両系統での遺伝子欠失の順序の共通性を示した。さらにその進化の過程で共通して欠失している *adhE* 遺伝子についてタンパク質ドメインの欠失順序の共通性を発見した。以上の成果を査読を経て国際誌 *Communications Biology* で発表した。またさらに、その副産物として、*adhE* とは独立に遺伝子融合で誕生した *bdhE* 遺伝子を発見し、コードされるタンパク質の活性や構造の共通性・相違性の実験的解析に繋げることができた。これらの成果も既に論文にまとめて国際誌に投稿済みである。

発表論文(謝辞あり)

Konno, N., Maeno, S., Tanizawa, Y. et al. Evolutionary paths toward multi-level convergence of lactic acid bacteria in fructose-rich environments. *Commun Biol* 7, 902 (2024). <https://doi.org/10.1038/s42003-024-06580-0>

発表論文(謝辞なし)

(†は責任著者。*は共同筆頭著者。)

Naoki Konno†, Keita Miyake, Satoshi Nishino, Kimiho Omae, Haruaki Yanagisawa, Saburo Tsuru, Yuki Nishimura, Masahide Kikkawa, Chikara Furusawa, and Wataru Iwasaki. Repeatability of Protein Structural Evolution Following Convergent Gene Fusions. *bioRxiv* (2025).

Chunhui Hao*†, Naoki Konno*†, Makoto Ito, Laurence J Belcher, Wataru Iwasaki, Stuart West. Cooperation shapes bacterial niche breadth evolution and patterns of diversification. *bioRxiv* (2024).