

対偶遺伝学法を利用した海洋微生物の遺伝子の機能解明
Analysis of gene function in marine microorganisms using contrastive genetics.

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 富永賢人

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、主に対偶遺伝学法を利用した微生物の遺伝子の機能解明を進めた。対偶遺伝学法は、多数の種の比較ゲノム解析により、在不在が排他関係にある遺伝子のペアを抽出し、互いにその機能が相補する遺伝子ペアを同定する手法であり、相同性に依存せず機能未知遺伝子の機能推定が可能である。本年度は本手法を軸に主に海洋微生物を対象に以下のような解析を進めた。

(1) 対偶遺伝学法による新規 DNA ヘリケースローダーの探索

DNA ヘリケースローダーは原核生物から真核生物まで広く保存された生物の DNA 複製に必須なタンパク質である。しかし、一部の原核生物では既知の DNA ヘリケースローダーがゲノム上に同定されない。本年度は、昨年度までに対偶遺伝学法により海洋細菌から同定した新規のウイルス型ヘリケースローダーについて立体構造予測を進めるとともに、既知の細菌型ヘリケースローダーについてその配列多様性の解析を進めた。さらに、ウイルス型のヘリケースローダーについてもその多様性について解析を進めた。

(2) 細菌における新規 DNA 複製開始機構の探索

細菌の DNA 複製は、開始調節因子 DnaA に制御され、単一の *oriC* を開始点とする DnaA-*oriC* 型の開始様式が一般的である。しかし一部の細菌は DNA 複製の開始が DnaA に依存せず、その開始位置や機構も不明である。本研究では、対偶遺伝学的なアプローチにより、複製開始が DnaA に依存しないゲノムの特徴を調べ、その複製開始機構への理解を試みた。DnaA 非依存型の複製開始を行うシアノバクテリアゲノムについて、DnaA 結合配列や機能未知ヌクレアーゼの増加、DNA 修復や組み換え系の保持傾向の変化といった特徴を発見し、DnaA 非依存型の複製開始との関連を示唆する知見を得た。

(3) 天然変性領域を持つタンパク質の海洋細菌における生態学的意義の探索

決まった構造を持たない天然変性領域(IDR)を持つタンパク質は、「液-液相分離」を介した生体分子凝縮体の形成により、様々な細胞内の現象に関与する。本研究は、海洋細菌の有するタンパク質の IDR について、特にその生態学的な知見の拡充を試みた。IDR の長さを持ち主のゲノムの特徴と環境分布と比較したところ、サイズが大きく GC 含量の高いゲノムを持つ深層優占種がより長い IDR を持つ傾向が認められた。このことは、タンパク質の液-液相分離のしやすさの変化が、海洋細菌の環境適応に重要な可能性を示唆した。これらの研究成果について、微生物生態学会、ゲノム微生物学会の国内学会において発表を行うとともに、遺伝学会にて招待講演を行った。また、現在査読ありの投稿論文を投稿中である。