

一酸化炭素資化菌と水圏ウイルスの分子生物学的研究
Molecular biology of carboxydrotrophs and aquatic viruses

京都大学 農学研究科 応用生物科学専攻 吉田 天士

研究成果概要

一酸化炭素 (CO) の還元力によって駆動される炭素・エネルギー代謝は始原的代謝経路の1つと考えられている。鬼界カルデラ海底コアより分離された古代型 CO 資化菌 *Calderihabitans maritimus* は、既知の生物で最大の7つの CO 資化酵素を有し、多様な CO 代謝を行うと予測されている。しかし、本菌が CO に対してどのように応答し、代謝を順応させるのかは未解明であった。本菌の RNA-Seq 解析によって、2つの CO 資化酵素とともに発現誘導される多数の炭素・エネルギー代謝酵素群を同定した。さらに、これらの酵素群の遺伝子発現は、CO 感知型転写因子と CO 代謝に伴い変動する NADH 量を検知する転写因子によって多段階に調節される可能性が示唆された。

Bacteroidetes 門細菌は海洋の主要な従属栄養細菌系統である。しかし、本門細菌に感染するウイルスは魚病原菌などの一部の宿主系統に感染するウイルスに分離例が限られ、その多様性に関する知見は不足していた。そこで、メタゲノムから構築された海洋 Bacteroidetes 細菌のゲノムと未分離海洋ウイルスゲノムの配列比較により、未分離の本門細菌感染ウイルスゲノムを探索した。新たに81ゲノムを本門細菌感染ウイルスとして同定し、それらの中から Far-T4 系統などの海洋の優占系統を見出した。

海洋の原核生物は、海洋一次生産物の主要な消費者であるため、その動態の理解が求められる。近年、環境中で原核生物の種組成が日ごとに大きく変化することが報告されたが、その機構は不明である。そこで海洋優占一次生産者である *Heterosigma akashiwo* の有機物と海洋性原核生物群集を用いたマイクロゾム培養系を構築し、一次生産者の生死が原核生物群集に与える影響を調査した。その結果、原核生物群集の組成は一次生産者の死滅にตอบสนองして短期間のうちに大きく変化させることが示唆された。

発表論文(謝辞あり)

In silico prediction of virus-host interactions for marine Bacteroidetes with the use of metagenome-assembled genomes

(2020) *Front. Microbiol.*, fmicb.2020.00738.

他6報

発表論文(謝辞あり)

該当なし