

対偶遺伝学とメタエピゲノミクスによる微生物ダークマターの機能解析
Functional characterization of microbial dark matter by
contrapositive genetics and meta-epigenomics

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 富永賢人

研究成果概要

(1) 対偶遺伝学法による機能未知遺伝子の機能予測

対偶遺伝学法は、比較ゲノム解析によって遺伝子の存在パターンが逆相関する遺伝子ペアを抽出し、互いにその機能が「相補」するような遺伝子ペアを同定する手法である。本研究では、DNA 複製に必須な DNA ヘリケースローダー遺伝子に対し本手法を適用し、既知ヘリケースローダーを持たないゲノム中から新規の DNA ヘリケースローダー遺伝子を探索した。Genome taxonomy database 上の約2万個の細菌ゲノムのうち、全体の約8%のゲノムに既知のヘリケースローダー遺伝子がゲノム上に認められなかった。このようなゲノムを多数含む科について、SonicParanoid によりオルソログ推定を行い、Brunner-Munzel 検定によりヘリケースローダー欠損ゲノムにのみ保有される遺伝子を抽出した。その結果、Vibrio 科細菌のヘリケースローダー欠損ゲノムから、ウイルス型ヘリケースローダーに構造類似性を示す機能未知遺伝子が抽出され、有力な新規ヘリケースローダー候補と示唆された。

(2) 未分離海洋 Flavobacteria 科細菌の生物地理的生態

海洋 Flavobacteria 科細菌は、海洋の優占細菌系統の一つだが、その海洋優占系統はいまだその大部分が未分離である。本研究では、本科の分離株比較ゲノム解析より近年提唱された「ソーラーパネル・パラソル戦略仮説」について、メタゲノム由来ゲノム (OceanDNA MAG catalog, Nishimura and Yoshizawa, 2021)を用いて、本科未分離海洋優占系統を含めた再検証を行った。その結果、プロテオロドプシン遺伝子と紫外線耐性色素合成や嫌気代謝に排他的な関係が認められ、本仮説は未分離優占系統においても成立することが示唆された。加えて、プロテオロドプシンと共起的または排他的な分布を示す新規の機能未知遺伝子群を同定した。

(3) 東京地下水圏に生息する CPR 細菌に感染するウイルスの探索

メタゲノム解析により近年その存在が明らかになった巨大系統群 Candidate Phyla Radiation (CPR)は、その培養例がわずか数例に限られ、知見が不足している。本研究ではメタゲノム解析により CPR に感染するウイルスの探索を試みた。地下水の細菌画分由来メタゲノムから、複数のウイルス予測ソフトによりウイルス探索を行い、約5000のウイルス様コンティグを同定した。これらのコンティグに対し、CPR の CRISPR の spacer 領域との相同性を指標として宿主推定を行ったところ、複数の CPR 感染ウイルス様コンティグが同定された。