

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 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、対偶遺伝学法を中心とした各種のバイオインフォマティクス手法により、海洋微生物やそのウイルスを対象として機能未知遺伝子の機能解析、比較ゲノム解析、トランスクリプトーム解析を進めた。

(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

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る。本年度は、本年度は、昨年度までに対偶遺伝学法により海洋細菌ゲノム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、その立体構造に基づく解析を行い、それらの結果を合わせて PNAS 誌にて論文発表を行った。さらに、公共データベース上に存在するウイルスゲノムからヘリケースローダーを探索し、その多様性について解析を進めた。多くのウイルスではローダーがヘリケースと排他関係にある傾向を見出し、これらのローダーが宿主ヘリケースの乗っ取りを主な機能であることを示唆する結果を得た。

(2) シアノバクテリアにおける暗所応答機構の解析

細菌の環境応答における主要なセカンドメッセンジャーである ppGpp は、シアノバクテリアでは暗所での生存に関わる。本研究では、シアノバクテリアの ppGpp 合成能の欠損変異とそのサプレッサー変異株のトランスクリプトーム解析を行い、ppGpp 合成能の欠損株とサプレッサー変異株の転写動態の差異から、シアノバクテリアにおいて ppGpp により直接的に制御される代謝系の特定を進めた。

(3) 海洋細菌における生天然変性領域を持つタンパク質の網羅的な探索

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が細菌における知見は少ない。本研究では、海洋細菌の有するタンパク質の IDR の網羅探索を行った。海洋メタゲノム由来の原核生物ゲノムから、複製、転写、翻訳など多様な機能に関わる計 1,345,949 個の IDR を含むタンパク質を検出した。IDR の出現頻度は、系統に関わらず GC 含量の高いゲノムで高く、この傾向は GC 含量の高いコドンに天然変性しやすいアミノ酸が集中していることに起因すると示唆された。

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、海洋学会、日本地球惑星科学連合といった国内学会において発表・招待講演を行った。また、現在査読あり投稿論文の準備を進めている。

発表論文(謝辞あり)

- Tominaga, K., Ozaki, S., Sato, S., Katayama, T., Nishimura, Y., Kimiho Omae and Iwasaki, W. (2024). Frequent nonhomologous replacement of replicative helicase loaders by viruses in Vibrionaceae. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 121(19). doi:<https://doi.org/10.1073/pnas.2317954121>.
- Tominaga, K., Hiroaki Takebe, Murakami, C., Akira Tsune, Okamura, T., Ikegami, T., Onishi, Y., Kamikawa, R. and Yoshida, T. (2023). Population-level prokaryotic community structures associated with ferromanganese nodules in the Clarion-Clipperton Zone (Pacific Ocean) revealed by 16S rRNA gene amplicon sequencing. *Environmental Microbiology Reports*, 16(1). doi:<https://doi.org/10.1111/1758-2229.13224>.