

海洋細菌のゲノム進化を駆動する環境適応の鍵遺伝子の探索と実証

Search for and verification of key genes that drive the genomic evolution of marine bacteria and their environmental adaptation

東京大学 大学院新領域創成科学研究科 自然環境学専攻 富永賢人

研究成果概要

本年度は、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、海洋微生物やそのウイルスを対象として、遺伝子機能解析、比較ゲノム解析、メタゲノム解析、トランスクリプトーム解析といった各種バイオインフォマティクス解析を行った。

1. 海洋細菌におけるゲノム進化を駆動する環境適応の鍵遺伝子の探索

細菌の分布を制限する主な要因の 1 つは環境要因だが、我々の細菌の環境適応機構への理解は限定的である。本研究では、ゲノムスケールの環境適応を駆動する鍵遺伝子の探索を目指し、海洋性の *Flavobacteriaceae* 科細菌のメタゲノム由来の 500 以上のゲノムについて、海洋サンプル由来の公共メタゲノムリードのマッピングにより生息域を推定し、さらに比較ゲノム解析により生息域に対応した遺伝子群の抽出を行った。これにより、表層特異的な遺伝子として光利用に関わるロドプシンなどの遺伝子群を、極域特異的な遺伝子として脂肪酸代謝などの遺伝子群を抽出した。現在この中から特に機能未知の遺伝子を標的に欠損株を作成し、表現型の検証を進めている。

2. *Bacteroidota* におけるロドプシン型光利用の多様性から読み解く環境適応

微生物型ロドプシンによる光エネルギー利用は、水圏微生物に広く見られる生存戦略だが、ATP 生産に関わる H⁺輸送型以外の Na⁺や Cl⁻の輸送型の生理的な役割は十分に理解されていない。そこで、多様な水圏環境に生息する *Bacteroidota* に着目し、18,000 種以上のゲノムからロドプシン遺伝子を探索し、さらに公共メタゲノムから推定した生息環境との関連や共起遺伝子の抽出により、生理機能の手がかりを探索した。3,000 配列以上のロドプシンを検出し、ロドプシン特有の配列モチーフに基づき輸送イオン型を分類した。比較ゲノム解析により、Na⁺輸送型と生息環境の関連や、Cl⁻輸送型ロドプシンの近傍遺伝子の傾向を見出し、環境中のイオン組成や他の輸送系との関連との関連を示唆する結果を得た。

3. 高解像メタトランスクリプトームが照らし出す多様な海洋ウイルスの日周転写動態

ウイルス感染は宿主の代謝に応じて進行するため、溶菌による環境への有機物放出にも宿主の日周期に応じたリズムがあると考えられる。しかし、多様な海洋微生物に感染するウイルスの日周動態の理解は不十分である。そこで本研究では、2024 年 2 月に黒潮続流域で 3 時間ごと 72 時間連続採水した海水試料の原核生物画分メタゲノムからウイルス様配列の網羅的探索と、メタトランスクリプトームを用いた感染動態解析を行った。3 種類のウイルス検出ツールにより *Cyanobacteria*、SAR11、*Flavobacteria* などの優占微生物に感染が予測される計 10,000 配列以上のウイルス様配列を検出した。さらに、10~300 m の 12 深度のメタトランスクリプトーム解析により、深度の増加に伴う日周性の減衰を見出した。