

一酸化炭素酸化菌と水圏ウイルス、原生生物の分子生物学的研究

Molecular biology of carboxydrotrophs, aquatic viruses, and protists

京都大学 農学研究科

吉田 天士

研究成果概要

一酸化炭素 (CO) 利用菌と呼ばれる原核生物は、CO デヒドロゲナーゼ (CODH) を用いて CO を代謝する。CODH は酸素感受性のニッケル含有 (Ni-) CODH および酸素耐性のモリブデン含有 (Mo-) CODH に分かれる。CO 代謝は CO および二酸化炭素 (CO₂) を用いた炭素・エネルギー代謝を駆動するため、その生態学的役割の理解は重要である。本研究ではメタゲノムデータベースの探索および大阪湾におけるサンプリングにより CO 利用菌の多様性および生理生態の理解を目的とした。

嫌気環境における CO 利用菌とその CO 利用様式の多様性を明らかにするために、メタゲノムデータベースを探索した。その結果、腸内原核生物の 8 門 248 種に相当する 1,302 ゲノムが Ni-CODH 遺伝子を保有した。既知の CO 利用関連遺伝子は Ni-CODH 遺伝子の近傍に位置し、遺伝子クラスターとして保存される。ヒト腸内で Ni-CODH 遺伝子クラスターは 8 種に分けられ、593 ゲノムが持つ遺伝子クラスターは WLP (炭素固定) 関連、138 ゲノムが持つ遺伝子クラスターは還元力提供関連に分類された。しかし、既知の呼吸関連遺伝子を含む遺伝子クラスターは検出されなかった。ヒト腸内 CO 利用菌候補は、Ni-CODH を呼吸ではなく、CO の還元力と炭素を活用するために保持する可能性が考えられた。

好気的な海洋における CO 利用菌の生態を明らかにするために、大阪湾の表層海水から Mo-CODH 保有 CO 利用菌を探索し、10 ヶ月に渡り時系列動態を観測した。過去の研究で、海洋メタゲノムデータベースから Mo-CODH 遺伝子保有ゲノムを 8 門 234 種 1,279 ゲノム検出した。234 種中 4 種が大阪湾から検出され、種ごとに動態が異なった。本研究で得られた知見は水圏における CO 除去過程の全容解明に寄与することが期待される。

発表論文(謝辞あり)

- Phylogenetic diversity of putative nickel-containing carbon monoxide dehydrogenase-encoding prokaryotes in the human gut microbiome (2024). *Microb. Genom.* 10:001285.

学会発表(謝辞あり)

令和 6 年度日本水産学会秋季大会

- 「一酸化炭素を食べる」海洋細菌の同所的時間ニッチ分化

日本微生物生態学会 第 37 回大会

- 大阪湾における異なる時系列動態を示す 3 種の海洋性一酸化炭素酸化菌の同定