

環境とバイオテクノロジー
2021 年度採択研究代表者

2022 年度
年次報告書

西村 陽介

海洋研究開発機構 海洋機能利用部門
特任研究員

メタゲノムビッグデータを活用した微生物の環境適応因子の解明

研究成果の概要

地球上の様々な環境に生息する微生物には、「環境適応の鍵を握る遺伝子」が遺伝子水平伝播によって広まっていると考えられる。しかし、微生物の環境適応過程についての理解は乏しく、「環境適応の鍵を握る遺伝子」の全体像は謎に包まれている。本研究は、公開されているメタゲノム・ビッグデータを利用して各遺伝子の環境特性を知識化することで、微生物の環境適応因子の全体像を明らかにし、生命進化への新しい視点を切り拓く。さらに、遺伝子の環境特性や遺伝子水平伝播の網羅的な情報を整備することで、機能未知遺伝子の機能を推定し、有用な遺伝子資源を探索することを目的とする。

2022年度は、各遺伝子の環境での分布について高解像度に情報整備を行うために、個々の遺伝子オーソログについて、網羅的タンパク質データベースから得られる配列を包含する大規模なリファレンス系統樹を構築するためのパイプラインを構築した。現在、大規模な系統樹計算を実行中である。また、本研究のもう一つの基盤であるメタゲノム配列の解析と、環境メタデータの取得を行った。様々な環境から得られた1万以上のサンプルに由来するメタゲノム・ビッグデータ(約100兆塩基対)について、その由来となる環境について温度、水面(地面、海底)からの深さ、サイズ画分、酸素・塩分濃度などの環境メタデータをデータベースや文献から収集して整備すると共に、そのメタゲノム配列に基づいて由来となる環境を分類するための解析を行った。

さらに、個々の微生物ゲノムを解読する手法を開発し、海洋に由来する2,057サンプルに関して59門にまたがる5万以上の原核生物ゲノムの解読に成功し、世界最大の海洋生物ゲノムカタログ「OceanDNA MAG カタログ」として公開した(1)。その中から、北極海に存在する新しい窒素固定細菌のゲノムを同定し、その生態学的な分布やゲノムの特徴を明らかにした(2)。

【代表的な原著論文情報】(*は責任著者、#印は共に第一著者)

- 1) *Yosuke Nishimura and Susumu Yoshizawa. 2022. “The OceanDNA MAG catalog contains over 50,000 prokaryotic genomes originated from various marine environments.” *Scientific Data* 9, 305
- 2) #Takuhei Shiozaki, #Yosuke Nishimura, Susumu Yoshizawa, Hideto Takami, Koji Hamasaki, Amane Fujiwara, Shigeto Nishino, and Naomi Harada. 2022. “Distribution and survival strategies of diazotrophs in the Arctic Ocean revealed by global-scale metagenomic analysis” *bioRxiv*, 2022.10.28.514325