

環境とバイオテクノロジー  
2022 年度採択研究代表者

2022 年度  
年次報告書

平岡 聡史

海洋研究開発機構 海洋機能利用部門  
研究員

高温環境微生物叢が持つエピゲノム機構の探究

## 研究成果の概要

バクテリア・アーキア・ウイルスといった微生物が持つゲノム DNA には様々な化学修飾が施されており、この仕組みはエピゲノムと呼ばれる。微生物のエピゲノムは、ファージ感染に対する防衛機構(制限修飾系)や遺伝子転写制御、DNA ミスマッチ修復などの、生理学的に重要な機能に関わる例が知られている。今日の微生物エピゲノムに関する知見の大半は、ごく一部の分離培養株に基づいた研究に基づくものである。一方、実験室で培養されていない、いわゆる未培養系統群の微生物は地球上の様々な環境で優占していると考えられているが、それらが持つエピゲノムは技術的困難さのため観測がほとんどされていない。そのため、未培養系統群を含む原核生物やウイルスが持つエピゲノムの普遍性や多様性、進化・生態学的な意義などは未検証である。そこで本研究課題では、研究代表者が独自に構築した微生物叢が持つエピゲノムを非培養的・網羅的に観測する「メタエピゲノム解析」技術を利用し、今まで解析の対象とされてこなかった高温極限環境の微生物叢が持つエピゲノムを解析することで、その進化・生態学的役割に迫ることを目的とした。

2022 年度は、水温や成分、分布、色、触感などが明確に異なる多様な高温極限環境由来の試料を対象に、DNA 抽出と精製、PacBio 社製シーケンサを用いた HiFi リードのショットガンシーケンスを行い、得られたリード配列の基礎的なメタゲノム解析を実施した。今後、HiFi メタゲノムリードのゲノムアセンブリから高精度な Metagenomic assembled genome (MAG) を作成するバイオインフォマティクス解析パイプラインを構築し、ゲノム配列解析や MAG のクオリティ評価、機能遺伝子アノテーション、進化系統解析、そしてエピゲノム解析などを行っていく予定である。