

2023 年度年次報告書
環境とバイオテクノロジー
2022 年度採択研究代表者

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 には様々な後天的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重要な生命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偏っており、一方で多くの環境で優占する未培養の微生物系統群は、技術的困難さのためそれらが持つエピゲノムの観測例が限定的である。そのため、未培養系統群を含む原核生物・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。

2023 年度は、昨年度までに得られている PacBio HiFi リードの解析を行った。具体的には、リード単位での解析(菌叢構造解析や遺伝子分布解析など)を実施したほか、ゲノムアセンブリから高精度な Metagenomic assembled genome (MAG) を作成しクオリティを評価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、多数の原核生物・ウイルス・プラスミドの MAG を取得した。そして、得られた MAG の基礎的なゲノム配列解析や、遺伝子予測と機能遺伝子アノテーション、進化系統解析、ウイルス—宿主対応関係予測などを実施した。今後、より詳細なゲノム解析や、エピゲノム検出手法の検討と本解析、新規性の高い修飾酵素の探索と実験測定を実施するとともに、得られた結果を精査し、統合的に解釈していく予定である。