



網羅的遺伝子機能予測解析で探る

海洋細菌 SAR11 系統の生態

*西野 聡^(1,2), 富永 賢人⁽¹⁾, 大前 公保⁽³⁾,
岩崎 渉⁽¹⁾, 西村 祐貴⁽¹⁾, 吉澤 晋^(1,2)

(1) 東京大・院新領域, (2) 東京大・大気海洋研究所,

(3) 理化学研究所・開拓研究本部

E-mail: satoshi-nishino@g.ecc.u-tokyo.ac.jp

海洋表層で優占する細菌系統である SAR11 クレードは、培養が困難なため、その生態の理解は不十分である。本系統は合理化により縮小したゲノムを持つので¹⁾、系統内で保存されている機能未知遺伝子は海洋での優占に関わる重要な機能を持つと考えられる。そこで本研究では、網羅的な遺伝子機能予測解析により、SAR11 の生理・生態学的な知見の拡充を試みた。サブクレード網羅的に収集した 321 ゲノムが持つ 5,603 オルソロググループ (OG) について、COG データベースに基づく機能アノテーションを行い、2,800 OG を機能未知と定義した。これらに対して、近傍遺伝子の情報と、タンパク質予測立体構造の情報を用いて機能予測を試みた。その結果、物質の取り込みに関わる IV 型線毛や ABC トランスポーターと予測される遺伝子が新たに見つかった。さらに、近年発見されたウイルス防御機構群と類似したオペロンも見つかり、SAR11 培養株の少なくとも 1/3 はウイルス防御遺伝子を持つと推定された。ゲノムの縮小によりウイルス防御遺伝子をほとんど持たないとされている SAR11 においても^{2,3)}、ウイルス防御遺伝子の保持が重要だと示唆された。

1) SJ. Giovannoni *et al.* (2005) *Science* **309**: 1242-1245.

2) SJ. Giovannoni (2017) *Annu. Rev. Mar. Sci.* **9**: 231-255.

3) JD. Brüwer *et al.* (2024) *Nat. Commun.* **15**: 3715.