

令和元年6月18日現在

機関番号：38005  
研究種目：基盤研究(C) (一般)  
研究期間：2016～2018  
課題番号：16K07454  
研究課題名(和文) サンゴに共生する褐虫藻核ゲノムのエピゲノミクス

研究課題名(英文) Epigenomics of coral Symbiodiniaceae

研究代表者

將口 栄一 (Shoguchi, Eiichi)

沖縄科学技術大学院大学・マリンゲノミクスユニット・研究員

研究者番号：90378563

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,800,000円

研究成果の概要(和文)：サンゴに共生する渦鞭毛藻類の褐虫藻 Symbiodiniaceae は、少なくとも15のグループに分けることができるが、そのゲノム多様性やエピゲノムに関する研究は進んでいない。本研究では褐虫藻2種の全ゲノム配列(767 Mbと705 Mb)を決定した。比較解析により、二次共生により紅藻から獲得したと考えられる遺伝子の重複や損失が褐虫藻の多様化に影響してきたことを明らかにした。解読した褐虫藻ゲノムを利用し、毒合成を含む二次代謝産物ポリケチドの合成に関わる酵素遺伝子群を明らかにした。今後は、報告したゲノム基盤を使って、褐虫藻のエピゲノムの多様性の比較解析を展開していくことが可能である。

研究成果の学術的意義や社会的意義

サンゴには複数の種類の褐虫藻が共生していることが知られている。これまでは、サンゴと褐虫藻の共生関係の崩壊により引き起こされる白化現象の分子メカニズムを研究する上での褐虫藻のゲノム情報基盤が不足していた。本研究における2種の褐虫藻ゲノムの報告は、今後、サンゴ白化現象の分子メカニズムをゲノムや代謝産物レベルで解析する上での研究基盤を提供しており、学術的意義が高い。また二次代謝産物ポリケチドの合成に関わる酵素遺伝子群を網羅的に解析したことは、有毒渦鞭毛藻による食中毒や赤潮の問題に分子レベルの研究から取り組んで行く上でのよい比較データを提供しており、社会的意義があると考えられる。

研究成果の概要(英文)：I attempted to understand genetics underlying the Symbiodiniaceae diversity. The symbiotic dinoflagellate Symbiodiniaceae (previously the genus Symbiodinium) live together with many host organisms in coral reefs, including corals, sea anemones, bivalves, sponges, acoels, and forminiferans, in addition to existing as free-living cells. They was recently classified into fifteen major group and one of the reported differences among phenotypes was their capacity to synthesize mycosporine-like amino acids (MAAs), which absorb UV radiation. We decoded two genomes of the Symbiodiniaceae. My analysis demonstrated that the genome of the earliest branching Symbiodiniaceae encodes a gene cluster for MAA biosynthesis, while the terminal branch has completely lost these genes. Thus, our finding supported that some genes for secondary metabolite biosynthesis are clustered in the algal genomes.

研究分野：ゲノム科学

キーワード：渦鞭毛藻 サンゴ 紫外線吸収物質 褐虫藻 ゲノム ポリケチド 多様性 遺伝子クラスター

様式 C-19、F-19-1、Z-19、CK-19（共通）

### 1. 研究開始当初の背景

研究代表者らは、サンゴの白化現象の分子メカニズムを明らかにするためのゲノム基盤を得るために、サンゴ (Shinzato et al. 2011) とサンゴに共生する渦鞭毛藻 (Shoguchi et al. 2013) の全ゲノム解読の結果を世界に先駆けて報告してきた。渦鞭毛藻のミトコンドリア (Shoguchi et al. 2015) とプラスチド

(Mungpakdee et al. 2014) のゲノムに関しては高精度ゲノム配列とトランスクリプトーム解析を進め、2つのオルガネラゲノムから発現する mRNA は、かなりの RNA 編集 (約 3%) を受けていることを明らかにしてきた。しかしながら、サンゴに共生する渦鞭毛藻の仲間である褐虫藻は、分子系統学的解析により A から I の 9 つの大きなグループに分類されてきており、その多様性についてゲノムレベルではよく分かっていなかった (図 1)。サンゴには複数のクレードの褐虫藻が共生していることが報告されてきており、その多様性の遺伝子基盤を明らかにしていくことは、サンゴと褐虫藻の細胞内共生関係を明らかにしていく上で重要であると考えられた。

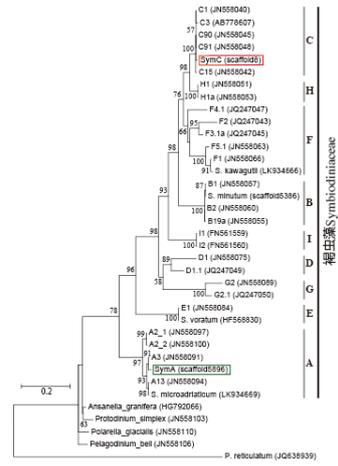


図 1. 28S rDNA 配列に基づく分子系統樹。ゲノムを解読した褐虫藻の系統学的位置を示す (赤色と緑色の四角内)。

### 2. 研究の目的

(1) サンゴに共生する渦鞭毛藻の多様性を明らかにするために、進化過程において最初に分岐したと考えられるグループである A と最も新しいグループである C に含まれる褐虫藻のゲノムを解読し、褐虫藻の多様性をゲノムレベルで明らかにする。

(2) 多様な褐虫藻間における生理学的な違いとして、クレード A は二次代謝産物であるマイコスポリン様アミノ酸 (MAAs) を合成できるが、クレード C は合成できないと報告されてきていたが、その遺伝子基盤については明らかになっていない。その遺伝子基盤を明らかにする。

(3) 渦鞭毛藻は、有毒渦鞭毛藻にみられるような独特なポリケチド化合物を合成することが報告されてきていたが、その分子の機能や遺伝子基盤についてはよく分かっていない。その遺伝子基盤を明らかにしていく。

### 3. 研究の方法

(1) クローン化した褐虫藻クレード A とクレード C のゲノム及び mRNA の配列を次世代シーケンサーにより得る。得られた断片配列をコンピューター上でアセンブルし、そのゲノム概要配列を決定する。mRNA の情報を用い、ゲノム概要配列上の遺伝子を予測する。これまでに解読してきたクレード B のゲノム (Shoguchi et al. 2013) と比較する。

(2) ゲノムを解読した褐虫藻が合成する MAAs を質量分析により、検出する。MAAs の合成経路に関わる 4 つの酵素についてはバクテリアの研究から明らかになっており、それらの酵素をコードする遺伝子が、解読したゲノム上に存在するかどうかをドメイン検索や分子系統解析を用いて明らかにする。

(3) 渦鞭毛藻の二次代謝産物として、毒を含むポリケチド化合物の多様性が報告されてきている。ポリケチドの合成に関わる酵素群はバクテリアや菌類の研究において調べられてきている。解読した褐虫藻ゲノムにコードされているポリケチド合成酵素遺伝子群を、配列類似性、ドメイン検索、分子系統解析により調べ、その酵素遺伝子の多様性を明らかにする。

### 4. 研究成果

(1) 褐虫藻類の進化過程において、最初に分岐したと考えられているグループと最後に分岐したと考えられるグループに属す 2 種の全ゲノム概要配列を明らかにした (図 1) (Shoguchi et al., 2018)。比較ゲノム解析により、新しいグループである C のゲノムが、その進化過程において、より多くの遺伝子ファミリーを損失してきていることが明らかになった。

(2) 質量分析により、クレード A は MAAs である Porphyra-334 を合成でき、クレード C は MAAs を合成できないことを明らかにした。興味深いことに、その MAAs を合成する遺伝子はゲノム上でクラスターを形成

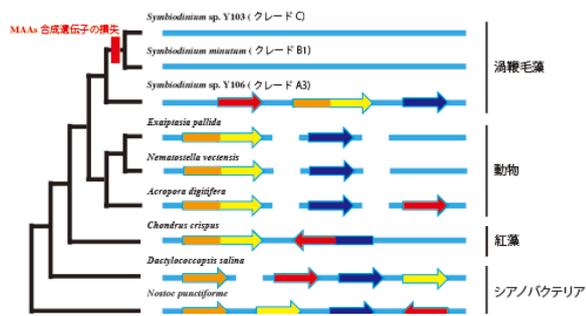


図 2. 褐虫藻ゲノム上に存在するマイコスポリン様アミノ酸合成遺伝子クラスター。最も古いクレードの褐虫藻のゲノムとは対照的に、進化的に新しい褐虫藻のクレードのゲノムにはこの遺伝子クラスター内の遺伝子オソログが見つかってきていない。

していた(図2)。分子系統学的解析は、少なくともその遺伝子の一部は、進化過程において紅藻の細胞内共生時に獲得した可能性が高いことを示唆した。

(3)ゲノムを解読した3種の褐虫藻のポリケチド合成遺伝子群を解析した結果、ほとんどの酵素遺伝子は、バクテリアにみられるような遺伝子クラスターを形成していないことが明らかになった(Beedessee et al. 2019)。

#### <引用文献>

Mungpakdee, S., Shinzato, C., Takeuchi, T., Kawashima, T., Koyanagi, R., Hisata, K., Tanaka, M., Goto, H., Fujie, M., Lin, S., Satoh, N. & Shoguchi, E. 2014. Massive gene transfer and extensive RNA editing of a symbiotic dinoflagellate plastid genome. *Genome Biol. Evol.* 6, 1408-1422.

Shinzato, C., Shoguchi, E., Kawashima, T., Hamada, M., Hisata, K., Tanaka, M., Fujie, M., Fujiwara, M., Koyanagi, R., Ikuta, T., Fujiyama, A., Miller, D. J. & Satoh, N. 2011. Using the *Acropora digitifera* genome to understand coral responses to environmental change. *Nature* 476, 320-323.

Shoguchi, E., Shinzato, C., Hisata, K., Satoh, N. & Mungpakdee, S. 2015. The large mitochondrial genome of *Symbiodinium minutum* reveals conserved non-coding sequences between dinoflagellates and apicomplexans. *Genome Biol. Evol.* 7, 2237-2244.

Shoguchi, E., Shinzato, C., Kawashima, T., Gyoja, F., Mungpakdee, S., Koyanagi, R., Takeuchi, T., Hisata, K., Tanaka, M., Fujiwara, M., Hamada, M., Seidi, A., Fujie, M., Usami, T., Goto, H., Yamasaki, S., Arakaki, N., Suzuki, Y., Sugano, S., Toyoda, A., Kuroki, Y., Fujiyama, A., Medina, M., Coffroth, M. A., Bhattacharya, D. & Satoh, N. 2013. Draft assembly of the *Symbiodinium minutum* nuclear genome reveals dinoflagellate gene structure. *Current biology* 23, 1399-1408.

#### 5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 6件)

- ① Beedessee, G., Hisata, K., Roy, M.C., Van Dolah, F.M., Satoh, N. & Shoguchi, E. 2019. Diversified secondary metabolite biosynthesis gene repertoire revealed in symbiotic dinoflagellates. *Sci. Rep.* 9:1204. 査読有
- ② Shoguchi, E., Beedessee, G., Tada, I., Hisata, K., Kawashima, T., Takeuchi, T., Arakaki, N., Fujie, M., Koyanagi, R., Roy, M.C., Kawachi, M., Hidaka, M., Satoh, N. & Shinzato, C. 2018. Two divergent *Symbiodinium* genomes reveal conservation of a gene cluster for sunscreen biosynthesis and recently lost genes. *BMC Genomics* 19, 458. 査読有
- ③ Guzman, C., Han, X., Shoguchi, E. & Chormaia, S.N. 2018. Fluorescence from a single *Symbiodinium* cell. *Methods and Applications in Fluorescence*. 6, 035003. 査読有
- ④ 将口栄一. 2018. 多様な宿主を持つ渦鞭毛藻 *Symbiodinium* の分子生物学. *藻類*. 66, 169-172. 査読なし
- ⑤ Shoguchi, E. 2017. Genome evolutions in symbiotic dinoflagellate *Symbiodinium* and parasitic apicomplexans. *BSJ-Review*. 8: 152-159. DOI: 10.24480/bsj-review.8c4.00123. 査読有
- ⑥ Bhattacharya, D., Agrawal, S., Aranda, M., Baumgarten, S., Belcaid, M., Drake, J.L., Erwin, D., Foret, S., Gates, R.D., Gruber, D.F., Kamel, B., Lesser, M.P., Levy, O., Liew, Y.J., MacManes, M., Mass, T., Medina, M., Mehr, S., Meyer, E., Price, D.C., Putnam, H.M., Qiu, H., Shinzato, C., Shoguchi, E., Stokes, A.J., Tambutté, S., Tchernov, D., Voolstra, C.R., Wagner, N., Walker, C.W., Weber, A.P., Weis, V., Zeligson E, Zoccola D & Falkowski, P.G. 2016. Comparative genomics explains the evolutionary success of reef-forming corals. *Elife* 5, e13288. 査読有

[学会発表] (計 5件)

- ① 将口栄一, Girish Beedessee, 多田一風太, 久田香奈子, 川島武士, 竹内猛, 新垣奈々, 藤江学, 小柳亮, Michael C. Roy, 河地正伸, 日高道雄, 佐藤矩行, 新里宙也, 二枚貝類から単離された褐虫藻のゲノムに存在する紫外線吸収物質合成遺伝子クラスター, 日本動物

学会, 2018 年

- ② 將口 栄一, 成底晴日, Michael C. Roy, 佐藤矩行, 共生性渦鞭毛藻 *Symbiodinium minutum* の DNA 修飾, 日本共生生物学会, 筑波大学, 2017 年 11 月 17 日-2017 年 11 月 19 日
- ③ 將口 栄一, 善岡祐輝, 新里宙也, 佐藤矩行, サンゴ *Acropora digitifera* に共生する褐虫藻のオルガネラゲノムの多様性, 日本藻類学会, 2017 年 3 月 23 日-2017 年 3 月 26 日
- ④ Eiichi Shoguchi, Girish Beedessee, Diversification of toxin-related genes in the genome of a symbiotic dinoflagellate, *Symbiodinium* sp., 日本生化学会 (招待講演), 仙台国際センター, 2016 年 9 月 25 日-2016 年 9 月 27 日
- ⑤ 將口 栄一, 新里宙也, 多田一風太, 久田香奈子, 佐藤矩行, 共生性渦鞭毛藻 *Symbiodinium* のゲノム進化のパターン, 日本植物学会 (招待講演), 沖縄コンベンションセンター, 2016 年 9 月 16 日-2016 年 9 月 18 日

## 6. 研究組織

### (1) 研究分担者

### (2) 連携研究者

新里 宙也 (SHINZATO, Chuya), 東京大学・大気海洋研究所・准教授, 研究者番号: 70524726

※科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。