

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 6 年 6 月 5 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(B)（一般）

研究期間：2020～2022

課題番号：20H03235

研究課題名（和文）海洋環境下のサンゴ-褐虫藻共生系のゲノム基盤の解明

研究課題名（英文）Understanding genomic bases of coral-algae symbioses occurring in nature

研究代表者

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

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,500,000円

研究成果の概要（和文）：刺胞動物である造礁サンゴは、褐虫藻と呼ばれる単細胞藻類を細胞内に共生させ、両者は相利共生関係を築いている。地球上で最も生物多様性の豊かな海洋生態系であるサンゴ礁は、共生する褐虫藻から莫大な栄養を得たサンゴが基盤となり支えている。しかし地球温暖化が進行する現在、その共生関係の崩壊である白化現象が世界中で報告されている。しかしサンゴと褐虫藻の共生関係が、どのように成立・維持されているのか、遺伝子レベルでは十分解明されていない。本研究では、実際の自然界で褐虫藻との共生に働くサンゴの遺伝子の特定と、サンゴと褐虫藻、さらには海洋生物の共生メカニズム解明のためのゲノム基盤の整備を行った。

研究成果の学術的意義や社会的意義

ミドリイシ属サンゴから単離された株を含む、由来の異なる複数の褐虫藻培養株を感染させ、それぞれの株に対するサンゴの遺伝子発現応答を比較することで、本来の共生相手である褐虫藻との共生に関わる遺伝子群を効率的に絞り込むことに成功した。毎世代ごとに環境中から褐虫藻を獲得する水平伝播型と、親から褐虫藻を受け継ぐ垂直伝播型の両方の共生様式を示すサンゴのゲノム解読や、他の海洋共生生物のゲノムを解読し、海洋生物の共生メカニズムを解明するためのゲノム基盤を整備することができた。

研究成果の概要（英文）：Reef-building corals (Scleractinia, Anthozoa, Cnidaria) are the keystone organisms of coral reefs, the most diverse marine ecosystems. Reef-building stony corals harbor endosymbiotic photosynthetic dinoflagellates of the family Symbiodiniaceae, which provide the majority of their photosynthetic products to the host corals. Coral bleaching, a breakdown of the mutualism between corals and their symbiotic dinoflagellates, caused mainly by increased ocean temperatures, is one of the major causes of coral reef decline. However, the molecular mechanisms of coral-algal symbiosis are still largely unknown. In this study, we aimed to identify genes involved in symbiosis with native coral symbiotic algae and to develop genomic tools for elucidating the symbiosis mechanisms of corals and other symbiotic marine animals.

研究分野：ゲノム科学

キーワード：サンゴ 褐虫藻 共生 遺伝子 ゲノム

1. 研究開始当初の背景

刺胞動物である造礁サンゴは、褐虫藻と呼ばれる単細胞藻類を細胞内に共生させており、両者は相利共生関係を築いている。サンゴは褐虫藻から莫大な栄養(光合成産物)を得て、海中に巨大で複雑な構造物、サンゴ礁を作り出す。そこは全海洋生物の25%の種が生息する、地球上で最も生物多様性の豊かな海洋生態系である。動物であるサンゴと、藻類である褐虫藻が密接な共生関係を築き、「サンゴ」という一つの生き物が成り立っている。サンゴ礁生態系はまさにサンゴと褐虫藻の共生、ホロビオントの賜物である。

しかしサンゴと褐虫藻の共生関係は繊細で、わずかな海水温上昇でも共生関係の崩壊「白化現象」が起こる。サンゴは栄養の大部分を褐虫藻に依存しており、白化現象が起こると最悪の場合死に至る。地球温暖化は日々進行し、大規模白化現象が世界中で報告されている。サンゴの死滅は、そこに生息する多様な海洋生物の消滅も意味し、豊かな生物多様性が脅かされる。しかしサンゴと褐虫藻の共生関係が、どのように成立・維持されているのか、遺伝子レベルでは十分解明されていない。

2. 研究の目的

本研究は、現在進行系の環境変動の影響を受け続けているサンゴ礁生態系の基盤、サンゴと褐虫藻の共生関係が、実際の海の中でどのように成立・維持されているのか、そのゲノム基盤を明らかにすることを目的とする。具体的には、1) 実際の自然界での共生相手である褐虫藻が感染したときに働くサンゴの遺伝子群の特定と、2) 異なる褐虫藻との共生様式を持つサンゴのゲノム比較や、様々な共生系の海洋生物のゲノムを解読することで、サンゴと褐虫藻、さらには海洋生物の共生メカニズムを解明するためのゲノム基盤の整備、を行う。

3. 研究の方法

(1) 実際の自然界で起こっているサンゴ-褐虫藻共生系の分子メカニズム

サンゴに共生する褐虫藻は多くの場合単離しても増殖せず、培養株として確立するのは難しい。さらに褐虫藻は数百種以上存在するとされ、1つのサンゴ個体にも多数の種の褐虫藻が共生している。本研究では、ミドリイシ属サンゴの幼体から実際に単離された褐虫藻培養株と、それと遺伝的に近縁だがサンゴと共生しない培養株を使用し、褐虫藻との共生前のサンゴのプラヌラ幼生にそれぞれ感染させることで、自然界で実際に起こる・起こらない共生を実験的に再現し、共生に関わるサンゴの遺伝子を的確に絞り込む。

(2) サンゴを含む海洋生物の共生メカニズム解明のためのゲノム基盤の整備

褐虫藻との共生を行うため、サンゴのゲノムはどのような特徴を持っているのだろうか。千種以上存在する造礁サンゴは褐虫藻との共生様式も多様であり、毎世代ごとに環境中から褐虫藻を獲得する水平伝播型と、親から褐虫藻を受け継ぐ垂直伝播型に大きく分けられる。大部分のサンゴは水平伝播型で、毎世代環境中から新しい褐虫藻を獲得することで、環境変化に対応していると予測される。一方垂直伝播型は一生涯を褐虫藻と伴にし、より密接な共生関係を築いていると考えられる。近い系統に両方の共生様式が存在するミドリイシ科のゲノムを比較し、両方の共生メカニズムのゲノム基盤の解明を目指す。さらに、サンゴとは異なり細胞外に褐虫藻を共生させるシャコガイや、共生する化学合成細菌に完全に栄養を依存しているサツマハオリムシのゲノムを解読し、幅広い海洋生物の共生メカニズムをゲノムレベルで理解するための基盤を整備する。

4. 研究成果

(1) 実際の自然界で起こっているサンゴ-褐虫藻共生系の分子メカニズム

褐虫藻との共生を開始する前のミドリイシ属サンゴのプラヌラ幼生に、ミドリイシ属サンゴから単離された株を含む、由来の異なる複数の褐虫藻培養株を感染させ、それぞれの株に対するサンゴの遺伝子発現応答を比較し、本来の共生相手である褐虫藻との共生に関わる遺伝子、共生関連遺伝子の特定を行った。サンゴ由来の褐虫藻感染時のみ、代謝系に関わる遺伝子群の発現低下やそれら輸送体の発現上昇が確認された。これらには遺伝子重複により生じた遺伝子がいくつか含まれており、褐虫藻との共生を可能にするサンゴのゲノム基盤の成立には、遺伝子重複が重要であった可能性が示唆された。さらに、着底直後のミドリイシサンゴの初期ポリプにも同様に本来の共生褐虫藻株を感染させ、その遺伝子発現変化を網羅的に解析した(図1)。プラヌラ幼生の解析で得られた共生関連遺伝子群と比較し、ミドリイシサンゴの初期生活史において、特に重要である共生関連遺伝子群の絞り込みに成功した(図2)。

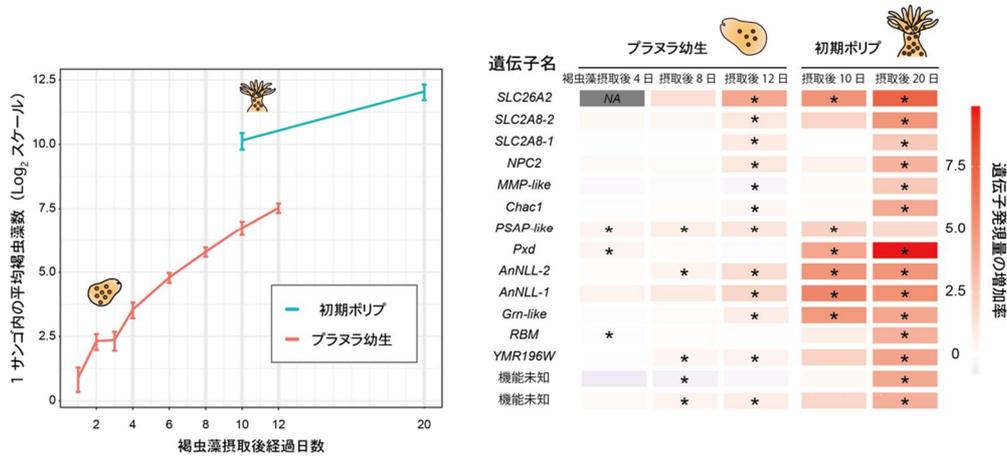


図 1：プラナラ幼生と初期ポリプにおける共生関連遺伝子群の遺伝子発現パターン
 (左) プラナラ幼生・初期ポリプ内の平均褐虫藻数。本研究では、褐虫藻摂取後 4・8・12 日後のプラナラ幼生、10・20 日後の初期ポリプ及び、それらに対応する褐虫藻無添加サンプルを実験に用いた。(右) 15 個の共生関連遺伝子 (各行) のタイムポイントごとの発現量増加率。赤が濃いほど遺伝子発現量の増加率が高い。* は、褐虫藻を与えていないプラナラ幼生あるいは初期ポリプと比べ、遺伝子発現量が統計的に有意に増加したタイムポイントを示す。

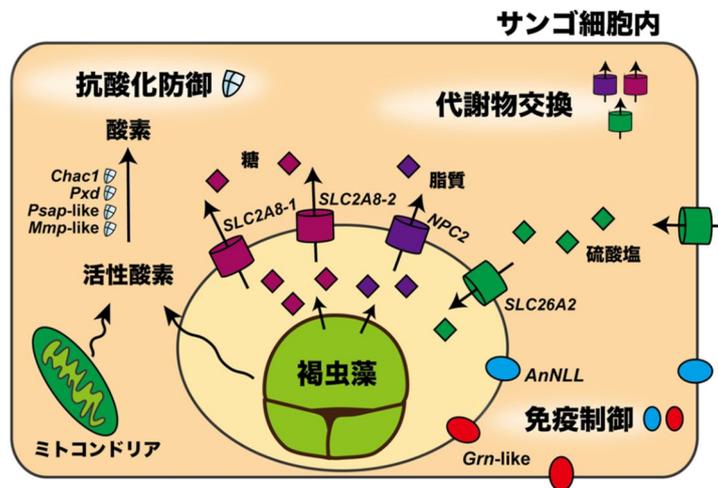


図 2：推定される共生関連遺伝子群の共生時の機能
 輸送体 (SLC2A8, NPC2, SLC26A2) は、褐虫藻が光合成によって生産した有機物の輸送や、環境中から取り込んだ栄養塩を褐虫藻に供与する機能を持つと考えられる。抗酸化防御に関わる遺伝子 (Chac1, Pxd, Psap-like, Mmp-like) は、サンゴのミトコンドリアや褐虫藻の葉緑体などから産生される活性酸素種の除去、AnNLL, Grn-like は、褐虫藻を細胞内で維持するための免疫制御に関与すると考えられる。

(2) サンゴを含む海洋生物の共生メカニズム解明のためのゲノム基盤の整備
 18 種のみドリイシ科のサンゴの全ゲノムを解読し、公開されている他のサンゴや刺胞動物との比較ゲノム解析を行った。現在地球上で最も繁栄している造礁サンゴの一つであるのみドリイシ属のゲノムにのみ見られる系統特異的な遺伝子重複など、いくつかのユニークなゲノムの特徴を特定した。この中には、褐虫藻との共生への関与が予想される遺伝子もいくつか含まれていた。同じくのみドリイシ科に属する、垂直伝播型のコモンサンゴ属 2 種とアナサンゴ属 1 種のゲノム解読を行い、すでにゲノムが解読されているのみドリイシ属など、他のサンゴ種との比較ゲノム解析を行った。その結果、垂直伝播型のコモンサンゴにおいては、系統特異的な遺伝子群の共生メカニズムへの関与が示唆された。さらにのみドリイシ科とは別系統の、垂直伝搬型のサンゴの新規ゲノム解読についても国際誌で発表した。細胞内に褐虫藻が共生するサンゴとは異なり、細胞外に褐虫藻が共生するシャコガイについてもゲノム解読を進め、ほぼ染色体を再構築できるほどの高品質なゲノム情報を得ることができた。さらに、藻類ではなく化学合成細菌と共生するサツマハオリムシのゲノムも解読し、国際誌で報告した。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計14件（うち査読付論文 14件／うち国際共著 2件／うちオープンアクセス 14件）

1. 著者名 Shinzato Chuya, Takeuchi Takeshi, Yoshioka Yuki, Tada Ipputa, Kanda Miyuki, Broussard Cedric, Iguchi Akira, Kusakabe Makoto, Marin Frederic, Satoh Noriyuki, Inoue Mayuri	4. 巻 13
2. 論文標題 Whole-Genome Sequencing Highlights Conservative Genomic Strategies of a Stress-Tolerant, Long-Lived Scleractinian Coral, <i>Porites australiensis</i> Vaughan, 1918	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Genome Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1093/gbe/evab270	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Yoshioka Yuki, Yamashita Hiroshi, Suzuki Go, Shinzato Chuya	4. 巻 12
2. 論文標題 Larval transcriptomic responses of a stony coral, <i>Acropora tenuis</i> , during initial contact with the native symbiont, <i>Symbiodinium microadriaticum</i>	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-022-06822-3	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Yoshioka Yuki, Yamashita Hiroshi, Suzuki Go, Zayasu Yuna, Tada Ipputa, Kanda Miyuki, Satoh Noriyuki, Shoguchi Eiichi, Shinzato Chuya	4. 巻 13
2. 論文標題 Whole-Genome Transcriptome Analyses of Native Symbionts Reveal Host Coral Genomic Novelty for Establishing Coral-Algae Symbioses	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Genome Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1093/gbe/evaa240	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Shinzato Chuya, Khalturin Konstantin, Inoue Jun, Zayasu Yuna, Kanda Miyuki, Kawamitsu Mayumi, Yoshioka Yuki, Yamashita Hiroshi, Suzuki Go, Satoh Noriyuki	4. 巻 38
2. 論文標題 Eighteen Coral Genomes Reveal the Evolutionary Origin of <i>Acropora</i> Strategies to Accommodate Environmental Changes	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Molecular Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 16~30
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1093/molbev/msaa216	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Yoshioka Yuki, Chiu Yi-Ling, Uchida Taiga, Yamashita Hiroshi, Suzuki Go, Shinzato Chuya	4. 巻 6
2. 論文標題 Genes possibly related to symbiosis in early life stages of <i>Acropora tenuis</i> inoculated with <i>Symbiodinium microadriaticum</i>	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Communications Biology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s42003-023-05350-8	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Uchida Taiga, Yoshioka Yuki, Yoshida Yu, Fujie Manabu, Yamaki Ayuta, Sasaki Akira, Inoue Koji, Shinzato Chuya	4. 巻 30
2. 論文標題 Genomic and transcriptomic analyses illuminate the molecular basis of the unique lifestyle of a tubeworm, <i>Lamellibrachia satsuma</i>	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 DNA Research	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/dnares/dsad014	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Yoshioka Yuki, Suzuki Go, Zayasu Yuna, Yamashita Hiroshi, Shinzato Chuya	4. 巻 22
2. 論文標題 Comparative genomics highlight the importance of lineage-specific gene families in evolutionary divergence of the coral genus, <i>Montipora</i>	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 BMC Ecology and Evolution	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12862-022-02023-8	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計7件 (うち招待講演 1件 / うち国際学会 1件)

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	山下 洋 (Yamashita Hiroshi) (00583147)	国立研究開発法人水産研究・教育機構・水産技術研究所(長崎)・主任研究員 (82708)	

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	鈴木 豪 (Suzuki Go) (30533319)	国立研究開発法人水産研究・教育機構・水産技術研究所(長崎)・主任研究員 (82708)	
研究分担者	將口 栄一 (Shoguchi Eiichi) (90378563)	沖縄科学技術大学院大学・マリンゲノミクスユニット・グループリーダー (38005)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関