

令和 6 年 5 月 22 日現在

機関番号：38005

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2020～2023

課題番号：20K05798

研究課題名（和文）サンゴ共生渦鞭毛藻の代謝産物利用の技術開発に基づいた共生機構の解明

研究課題名（英文）Revealing the symbiotic mechanisms from useful metabolites of dinoflagellates in corals

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・グループリーダー

研究者番号：90378563

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,300,000円

研究成果の概要（和文）：サンゴに共生する褐虫藻は多様であり、100種以上いることが知られている。本研究では、沖縄のサンゴから単離された白化耐性褐虫藻のゲノムを解読した。この白化耐性褐虫藻のゲノムには、紫外線吸収や抗酸化作用を持つことで知られる、マイコスポリン様アミノ酸の合成遺伝子クラスターが存在することを報告した。また抗生物質を含む培地で培養した際に褐虫藻に共在している主な細菌がアルファプロテオバクテリアであることをゲノム解析から明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

サンゴと褐虫藻の共生関係が崩壊して起こるサンゴ白化現象により、世界中のサンゴが死んでしまっている。白化耐性褐虫藻のゲノムや褐虫藻に共在する細菌のゲノムの研究は、サンゴの減少を食い止めるための対策立案へとつながる可能性があるため、重要であると考えられる。

研究成果の概要（英文）：Coral symbiotic algae are diverse and more than 100 species may be included. In this study, the genome of a bleaching-resistant algae isolated from corals in Okinawa has been decoded. Interestingly, the genome of this bleaching-resistant alga contains a mycosporine-like amino acid synthesis gene cluster, which has been involved in UV absorption and antioxidant properties. Genome analysis also revealed that the main bacteria co-occurring with symbiotic algae when cultured in antibiotic-containing media are alpha-proteobacteria.

研究分野：ゲノム科学

キーワード：海洋生態系 ゲノム サンゴ白化現象 褐虫藻 アルファプロテオバクテリア 高温耐性 紫外線吸収物質 抗酸化作用

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、研究者個人に帰属します。

## 様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

サンゴに共生する多様な渦鞭毛藻(褐虫藻)は、世界的規模で起こっているサンゴ白化現象(サンゴと渦鞭毛藻の共生関係の崩壊)等の海洋環境問題に直接関係する重要な生き物である。我々がゲノムを解読してきた褐虫藻4種には白化に強いと考えられている種と弱いと考えられる種が含まれ、それぞれの褐虫藻がユニークな二次代謝産物を生産している。しかしながら、それらのユニークな分子が生物間インターアクションにどのように関わっているのかはよく分かっていない。そのような中で我々は白化に強い褐虫藻には、紫外線防御物質として知られるマイコスボリン様アミノ酸(MAAs)を合成する新規の遺伝子クラスターがコードされていることをみつけていた。

### 2. 研究の目的

本研究では、MAAsのような二次代謝産物生合成に関わると考えられる遺伝子クラスターに含まれる酵素の機能について光酵素を中心に明らかにしていく。その機能解析の結果から産業への展開が可能な酵素遺伝子セットを抽出し、光エネルギーだけで渦鞭毛藻の二次代謝産物合成量を調節する技術の開発を目指す。さらに、これを研究の基盤として、白化に強い褐虫藻の二次代謝産物の生物間インターアクションにおける役割を明らかにし、サンゴ礁に生息する生き物の多様性を回復させるための方法の対策立案に資する。

### 3. 研究の方法

培養可能な高温耐性褐虫藻のゲノム配列決定を次世代シーケンサーにより行う。比較ゲノム解析により、白化耐性に関わる可能性のある遺伝子群を探す。イン・シリコ解析により、遺伝子機能の予測を行う。

### 4. 研究成果

白化耐性褐虫藻 *Durusdinium* 属のゲノムを解析し、論文として報告することができた(Shoguchi et al. 2021)。興味深いことに、白化耐性があると考えられてきた2種の褐虫藻(*Symbiodinium*, *Durusdinium*)のゲノムには抗酸化作用のあることや紫外線吸収物質として知られるマイコスボリン様アミノ酸(MAAs)の合成遺伝子クラスターが高度に保存されていた。さらに隣接する遺伝子も保存されており、フラビンアデニンジヌクレオチドドメインを持つグルコース-メタノール-コリン酸化還元酵素をコードしていることを明らかにすることができた。

褐虫藻の多様性の変化に関わる分子メカニズムについてはよく分かっていないが、比較ゲノム解析から多様性の変化に関係しているかもしれない分子メカニズムの仮説に関してのレビュー論文を報告することができた(Shoguchi 2022)。その中で非コード領域を含めて高度に保存されているMAAsの合成遺伝子クラスター領域が、褐虫藻間におけるゲノムの水平伝播により獲得されてきている可能性を議論した。

これまでにゲノムを解読してきたSymbiodiniaceae科の褐虫藻4属(*Symbiodinium*, *Breviolum*, *Cladocopium*, *Durusdinium*)の培養液中に共存するバクテリアのゲノム解析を行い、その結果を論文としてまとめた(Shoguchi et al. 2024)。抗生物質を含む条件下で褐虫藻と共存する主要なバクテリアは、アルファプロテオバクテリアのParvibaculaceae科に属することを報告した。比較ゲノム解析により、パルビバクラム科のバクテリアは、褐虫藻が合成できないコバラミン(ビタミンB12)の合成能を持つことを予測することができた。また褐虫藻の細胞表面の分解に関与する可能性のあるジアセチルキトビオースデアセチラーゼ(Dac)の遺伝子や窒素(N)サイク

ルにおける硝酸塩のアンモニウムへの異化還元 (DNRA) の代謝遺伝子を持つという特徴を報告することができた。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計3件（うち査読付論文 3件/うち国際共著 1件/うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 Shoguchi Eiichi, Kawachi Masanobu, Shinzato Chuya, Beedessee Girish	4. 巻 16
2. 論文標題 Functional analyses of bacterial genomes found in Symbiodiniaceae genome assemblies	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Environmental Microbiology Reports	6. 最初と最後の頁 e13238
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1111/1758-2229.13238	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 Shoguchi Eiichi	4. 巻 58
2. 論文標題 Gene clusters for biosynthesis of mycosporine like amino acids in dinoflagellate nuclear genomes: Possible recent horizontal gene transfer between species of Symbiodiniaceae (Dinophyceae)	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Journal of Phycology	6. 最初と最後の頁 1~11
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1111/jpy.13219	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 Shoguchi Eiichi, Beedessee Girish, Hisata Kanako, Tada Ipputa, Narisoko Haruhi, Satoh Noriyuki, Kawachi Masanobu, Shinzato Chuya	4. 巻 13
2. 論文標題 A New Dinoflagellate Genome Illuminates a Conserved Gene Cluster Involved in Sunscreen Biosynthesis	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Genome Biology and Evolution	6. 最初と最後の頁 evaa235
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1093/gbe/evaa235	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3件（うち招待講演 0件/うち国際学会 0件）

1. 発表者名 將口栄一
2. 発表標題 沖縄に生息するサンゴとシャコガイから単理された褐虫藻2種のゲノムに存在する超保存配列は遺伝子クラスターの水平伝播により生じた？
3. 学会等名 三学会合同熊本大会（日本動物学会九州支部）
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 將口栄一
2. 発表標題 サンゴ共生渦鞭毛藻間におけるUV吸収物質生成遺伝子群の水平伝播
3. 学会等名 2022年度三学会合同佐賀大会（日本動物学会九州支部）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 將口栄一
2. 発表標題 褐虫藻種間における遺伝子水平伝播の可能性
3. 学会等名 日本サンゴ礁学会
4. 発表年 2022年

〔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	濱田 麻友子  (Hamada Mayuko)  (40378584)	岡山大学・自然科学学域・准教授    (15301)	

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
---------	---------