

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 6 月 21 日現在

機関番号：12601

研究種目：挑戦的萌芽研究

研究期間：2014～2015

課題番号：26660152

研究課題名(和文) Every gene is everywhere, but the environment selects

研究課題名(英文) Every gene is everywhere, but the environment selects

研究代表者

伊知地 稔(Ijichi, Minoru)

東京大学・大気海洋研究所・特任研究員

研究者番号：10633894

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,000,000円

研究成果の概要(和文)：本研究は、「微生物群集は環境により異なるが、遺伝子群は普遍的に存在し、環境がセントラルドグマと代謝を選択する」という仮説を時空間的に異なる海洋生態系で実証することを目的とした。試料は、西部北太平洋の亜寒帯と亜熱帯のそれぞれで表層と中深層、斬新層で採取した。メタゲノムの遺伝子構造は測点や深度に関係なく同様の傾向を示し、その由来微生物群集構造は異なる傾向を示した。メタプロテオームは解析途中であるが、異なる傾向を示している。メタメタボロームも異なる傾向を示した。これらの結果は、本仮説を空間的に異なる海洋生態系で実証できたことを示す。今後は、本仮説を時間的に異なる海洋生態系で実証することを目指す。

研究成果の概要(英文)：The aim of this research is to verify, “Every gene is everywhere, but the environment selects” hypotheses by conducting meta-omics approach in different spatial marine environments. The seawater samples for meta-omics analyses obtained from surface, mesopelagic and bathypelagic of each subarctic and subtropical zone in the western North Pacific Ocean. Many microorganisms belonging to different taxonomical position may share the functionally similar genes. Also, genes coding for basic cellular metabolic functions are scattered among various microorganisms in the wide range of environments. Therefore, shift of the community structures is not necessarily accompanied with genetic structures. Under certain environment, genes to be expressed for particular functions are selected and the expression gives advantages to the cells harbouring the gene. Further meta-genomic analyses together with multi-omics approaches may verify this hypothesis in different temporal marine environments.

研究分野：海洋微生物生態

キーワード：メタマルチオミクス、メタゲノム、メタプロテオーム、メタメタボローム、セントラルドグマ、メタオーム、海洋微生物生態系、環境適応

1. 研究開始当初の背景

申請者はこれまでに、薬剤添加がバイオフィームに与える影響をメタマルチオミクスで明らかにした。海水淡水化施設では、取水後の海水や配管等で生物が増殖するのを防ぐために薬剤添加をするにも拘らず、逆浸透膜上に発生したバイオフィームによる造水効率の低下が問題になっている。そこで申請者は、高知県海洋深層水研究所に設置した海水淡水化施設の逆浸透膜上に発生したバイオフィームを対象に研究を行った。本研究では、表層水と深層水、薬剤を添加した表層水を原海水とした3基のパイロットプラントで試験を行った。メタゲノミクスの遺伝子群構造では、バイオフィームに対する原海水や薬剤添加の影響が明確で無かった。しかし、その由来微生物群集構造は異なり、その影響が明確であった。メタプロテオームでは、低発現のタンパク質にのみ、その影響が見られた。メタメタボロームでは、その影響が明確に示された。つまり、バイオフィームでは環境条件が多少変わろうとも、そこに存在する遺伝子群構造は殆ど変化しない。すなわち、微生物群集構造が異なっても機能的には同様の遺伝子群が存在する。また、異なる環境に適応するために、遺伝子発現が違ふ結果として代謝物質構造が異なる。これらの結果から着想し、申請者は「Every gene is everywhere, but the environment selects」仮説を発送するに至った。

従来の微生物生態学では、ある環境条件が特定の群集を選択する、「Everything is everywhere, but the environment selects」という考え方が一般的であった。しかし、ある微生物のゲノムは異なる機能遺伝子群がモザイク状に集合したものである。そこで申請者は(メタ)オミクスが主流になりつつ有る現在の微生物生態学に即した仮説として、遺伝子群は普遍的に存在するが、環境がセントラルドグマと代謝を選択する「Every gene is everywhere, but the environment selects」を提案している(図1)。

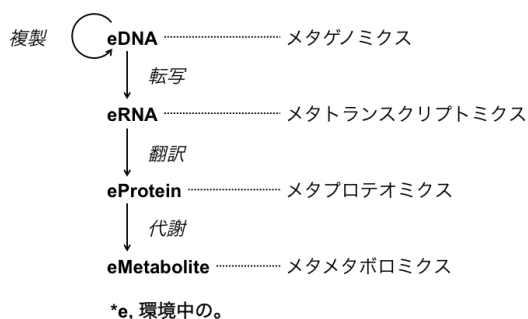


図1 環境のセントラルドグマ。「Every gene is everywhere, but the environment selects」仮説を理解するのに重要なセントラルドグマの概念に、環境と代謝を付加した新たな概念である。

この仮説では、環境に選択された遺伝子群が環境適応的に発現し、結果として代謝が環境間で異なると考える。従来は個々の微生物を群集という形で捉えていたが、現在では個々の遺伝子を群集と捉えて物事を考える必要が有る。本仮説はそのような事態に即し、時代を的確に捉えたものである。

2. 研究の目的

本研究は、申請者が海水淡水化施設のバイオフィームを対象としたメタマルチオミクスによる研究から見いだした「Every gene is everywhere, but the environment selects」という仮説を時空間的に異なる海水試料で検証し、実証することを目的とする。

3. 研究の方法

調査は、学術研究船「白鳳丸」KH-14-2 次研究航海で、2014年5月20日~6月11日に、西部北太平洋で行った。試料は、現場濾過機を用い、亜寒帯と亜熱帯のそれぞれで表層(水深100m)と中深層(水深500m)、斬新層(水深2,000m)から計6試料を採取した。フィルター上に捕集された試料は、塩分を除去し、分析まで-80°Cで保存した。

フィルターは分割後に、それぞれの前処理を行い、メタゲノムとメタプロテオーム、メタメタボローム分析を実施した。

4. 研究成果

メタゲノムの遺伝子構造は、測点や深度に関係なく同様の傾向を示し、違いは2倍未満であった(図2)。ただし、存在量が0.5%未満の区分では、2倍以上の違いが見られたものもあった(図2)。

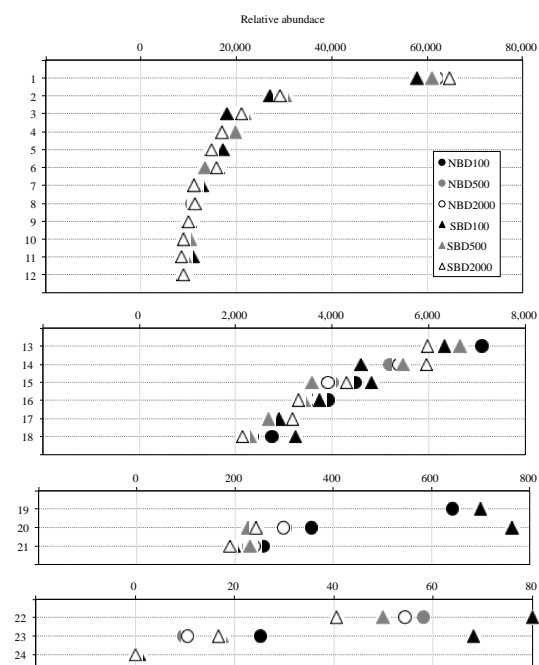


図2 .メタゲノムの遺伝子構造。 Information storage and processing, [4] Translation, ribosomal structure and biogenesis; [22] RNA processing and modification; [13] Transcription; [6] Replication, recombination and repair and; [21] Chromatin structure and dynamics. Cellular processes and signaling, [18] Cell cycle control, cell division, chromosome partitioning; [24] Nuclear structure; [17] Defense mechanisms; [15] Signal transduction mechanisms; [5] Cell wall/membrane/envelope biogenesis; [19] Cell motility; [20] Cytoskeleton; [23] Extracellular structures; [16] Intracellular trafficking, secretion, and vesicular transport; [7] Posttranslational modification, protein turnover, chaperones. Metabolism, [3] Energy production and conversion; [8] Carbohydrate transport and metabolism; [2] Amino acid transport and metabolism; [11] Nucleotide transport and metabolism; [10] Coenzyme transport and metabolism; [12] Lipid transport and metabolism; [9] Inorganic ion transport and metabolism; [14] Secondary metabolites biosynthesis, transport and catabolism. Poorly characterized, [1] Function unknown.

Cyanobacteria; 3, Thaumarchaeota; 4, Firmicutes; 5, Bacteroidetes; 6, Actinobacteria; 7, Euryarchaeota; 8, Tenericutes; 9, Spirochaetes; 10, Fusobacteria; 11, Planctomycetes; 12, Chloroflexi; 13, Thermotogae; 14, Chlorobi; 15, Aquificae; 16, Deinococcus-Thermus; 17, Acidobacteria; 18, Chlamydiae; 19, Crenarchaeota; 20, Ignavibacteriae; 21, Deferribacteres; 22, Nitrospirae; 23, Verrucomicrobia; 24, Thermodesulfobacteria; 25 Synergistetes; 26, Cloacimonetes; 27, Dictyoglomi; 28, Caldiserica; 29, Gemmatimonadetes; 30, Elusimicrobia; 31 Fibrobacteres; 32, Chrysiogenetes; 33, *Candidatus* Saccharibacteria; 34, Armatimonadetes; 35, *Candidatus* Korarchaeota.

メタゲノムの由来微生物群集構造は、測点や深度に関係なく異なる傾向を示した(図3)。ただし、属レベルの群集構造が亜寒帯の中深層と斬新層で、次にそれらと亜熱帯の中深層、斬新層の順に近似した。しかし、それらと両測点の表層間で異なった。さらに、分類群を高次にすると綱レベルでのそれが、亜熱帯の中深層と亜寒帯の斬新層で最も近似した。

メタプロテオームは、解析途中であるが、測点や深度に関係なく異なる傾向を示している。

メタメタボロームは、測点や深度に関係なく異なる傾向を示した(図4)。ただし、各測点の中深層と斬新層で、次に測点間の中深層と斬新層で近似した。しかし、それらと両測点の表層間で異なった。

メタゲノミクスの遺伝子群構造とその由来微生物群集構造、メタプロテオーム、メタメタボロームはそれぞれ、前述のバイオフィルムのメタマルチオームと同様の傾向を示した。これらの結果は、「Every gene is everywhere, but the environment selects」仮説が空間的に異なる海洋生態系で実証できたことを示す。

最後に、(メタ)オミクスが主流になりつつ有る現在の微生物生態学に即した本仮説の定義を「微生物群集は環境により異なるが、遺伝子群は普遍的に存在し、環境がセントラルドグマと代謝を選択する」と再定義する。この定義は、「微生物群集は環境に選択され変化するが、普遍的に存在する遺伝子群が環境適応的に発現し、結果として代謝が環境間で異なる」と読み解く。従来は個々の微生物を群集という形で捉えていたが、現在では個々の遺伝子を群集と捉えて物事を考える必要が有る。本仮説はそのような事態に即し、時代を的確に捉えたものである。

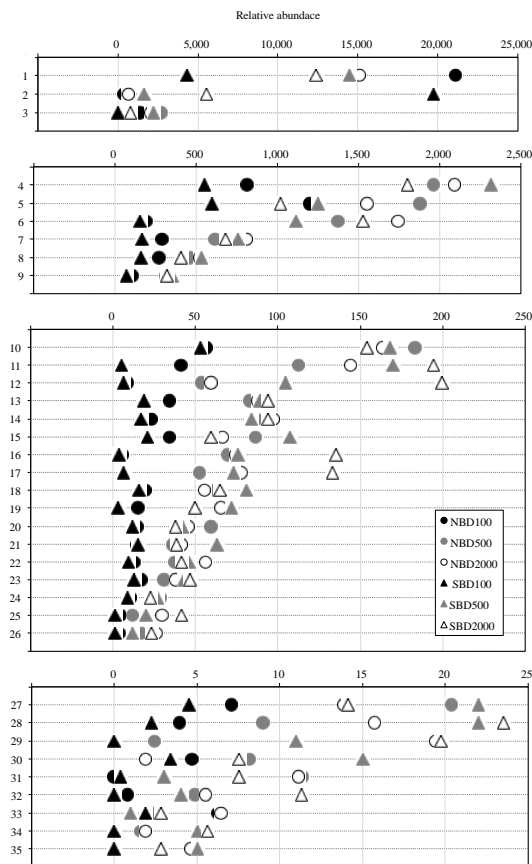


図3 .メタゲノムの門レベル由来における微生物群集構造。 1, Proteobacteria; 2,

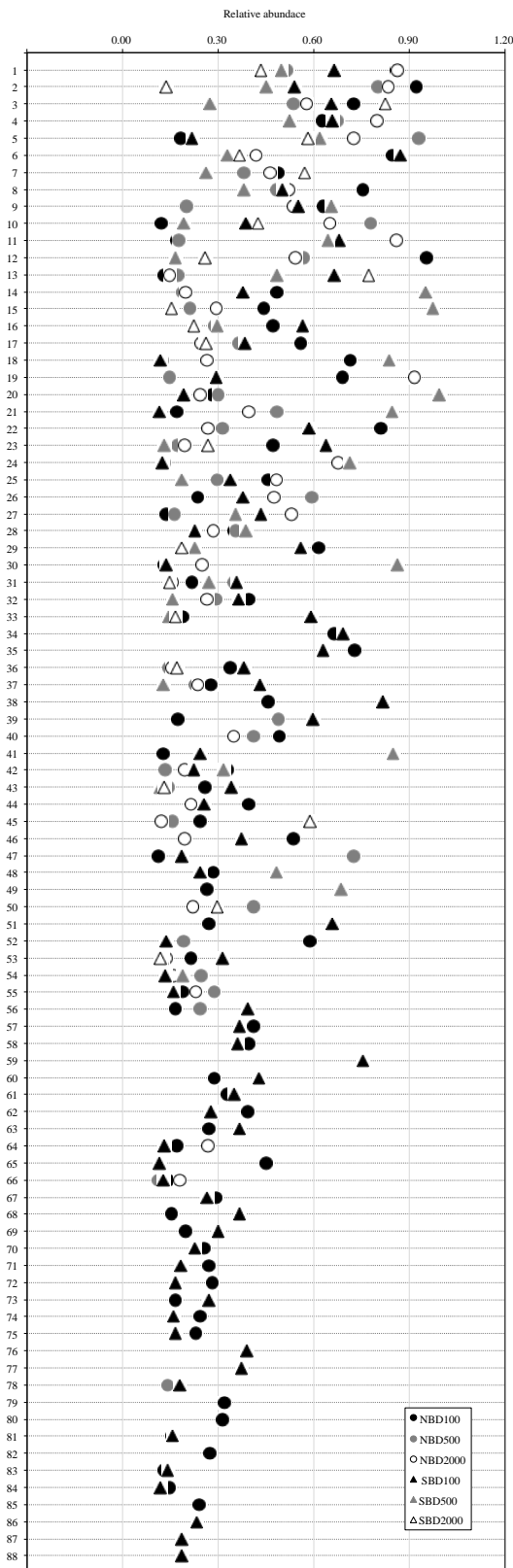


図4 . メタメタボロームの代謝物質構造。 1, Diethanolamine; 2, Choline; 3, Guanine; 4, His; 5, NAD⁺; 6, Gibberellic acid; 7, Arg; 8, Ala; 9, Trimethylamine N-oxide; 10, Cyclohexylamine; 11, Carnitine; 12, 2-Amino-2-methyl-1,3-propanediol; 13, Ascorbate 2-glucoside; 14, GABA; 15,

6-Aminohexanoic acid; 16, Terephthalic acid; 17, Glycerol; 18, Tyr; 19, Ornithine; 20, Ile; 21, γ -Butyrobetaine; 22, Pelargonic acid; 23, p-Toluic acid; 24, Trigonelline; 25, Leu; 26, Creatine; 27, Gly; 28, Pro; 29, Glyceric acid; 30, Phe; 31, Isoglutamic acid; 32, Lys; 33, Glu; 34, Threonic acid; 35, AMP; 36, Gluconolactone; 37, Gln; 38, Adenosine; 39, Citric acid; 40, Morpholine; 41, Lauric acid; 42, Betaine; 43, Lactic acid; 44, Asp; 45, Isobutylamine; 46, Ethanolamine; 47, Isethionic acid; 48, 2'-Deoxycytidine; 49, Ketoprofen; 50, Hexylamine; 51, Nicotinic acid; 52, β -Ala; 53, Triethanolamine; 54, Thr; 55, Ser; 56, Phosphorylcholine; 57, Val; 58, Glycerol 3-phosphate; 59, XA0027; 60, Met; 61, Glucose 6-phosphate; 62, Cytidine; 63, Trp; 64, Glycerophosphocholine; 65, O-Acetylcarnitine; 66, Hypoxanthine; 67, Stachydrine; 68, Cytosine; 69, Glutathione (GSSG)_divalent; 70, Citrulline; 71, 2-Aminoadipic acid; 72, N6-Methyllysine; 73, Adenine; 74, GMP; 75, Ala-Ala; 76, Uric acid; 77, Xanthine; 78, 5-Oxoproline; 79, 2-Aminoisobutyric acid; 80, Nicotinamide; 81, Homoserine; 82, Sarcosine; 83, Asn; 84, Saccharopine; 85, 2,6-Diaminopimelic acid; 86, XC0016; 87, IMP; 88, Myristoleic acid

5 . 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 6件)

木暮一啓、高橋 唯、伊知地 稔、池本栄子、千浦 博、RO 膜における微生物のプロセス、膜(MEMBRANE)、査読有、40 巻、2 号、2015、pp. 91-97 DOI:<http://doi.org/10.5360/membrane.40.91>

[学会発表](計 10件)

伊知地稔、町山麻子、高橋唯、千浦博、伊藤世人、北出有、花田茂久、田中祐之、岩崎涉、木暮一啓、Every gene is everywhere, but the environment selects、環境微生物系学会合同大会 2014、2014 年 10 月 24 日、アクトシティ浜松コンgresセンター(静岡・浜松市)

Minoru Ijichi, Asako Machiyama, Yui Takahashi, Hiroshi X. Chiura, Yohito Ito, Tamotsu Kitade, Shigehisa Hanada, Yuji Tanaka, Wataru Iwasaki and Kazuhiro Kogure、Meta-omics approach to biofilm communities on the membrane of seawater reverse osmosis system、

15th International Symposium on
Microbial Ecology, 26 August 2014,
Seoul (Korea)

伊知地稔、町山麻子、高橋唯、千浦博、
伊藤世人、北出有、花田茂久、田中祐之、
岩崎渉、木暮一啓、Every gene is
everywhere, but the environment
selects、第 8 回細菌学若手コロッセウ
ム、2014 年 8 月 7 日、ホテルニセコい
こいの村 (北海道・虻田郡ニセコ町)

〔その他〕

報告文

成廣 隆、伊知地 稔、大林 翼、国際学
会見聞録：ISME15 参加報告、微生物
和文誌、30 巻 1 号、2015、pp. 31-32

アウトリーチ活動情報

合同アウトリーチ企画『親子で楽しむ顕
微鏡観察～目に見えない小さな世界を
のぞいてみよう！』、日本土壤微生物学
会・環境バイオテクノロジー学会・日本
菌学会・日本微生物生態学会・浜松科学
館共催イベント、浜松科学館、2014 年
10 月 25 日

自然講座『みてみよう！いきものミクロ
たんけん隊』、日本微生物生態学会・
日本菌学会・茨城県自然博物館共催イベ
ント、茨城県自然博物館、2014 年 11 月
8 日

サイエンス・バー『海洋微生物の世界』、
流山市民・ダイニング Bar 桃太郎共催イ
ベント、ダイニング Bar 桃太郎、2015
年 2 月 26 日

自然講座『みてみよう！いきものミクロ
たんけん隊』、日本微生物生態学会・
日本菌学会・茨城県自然博物館共催イベ
ント、茨城県自然博物館、2015 年 11 月
22 日

6 . 研究組織

(1) 研究代表者

伊知地 稔 (IJICHI, Minoru)
東京大学・大気海洋研究所・特任研究員
研究者番号：1 0 6 3 3 8 9 4