

## 「メタエピゲノム解析による環境微生物叢の DNA 化学修飾の探査」

平岡 聡史 博士

海洋研究開発機構(JAMSTEC) 生命理工学センター

メチル基修飾(DNA メチル化)に代表される DNA 化学修飾は、細菌や古細菌において重要な役割を担っており、様々な研究が進められている。しかしながら、DNA 修飾に関する研究の大半は一部の培養株を利用したものに留まっており、未培養系統が優占する環境細菌叢は検証されてこなかった。そこで我々は、環境細菌叢が持つ DNA 修飾を解析する手法として、1 分子シーケンシングによる DNA メチル化解析とショットガンメタゲノム解析を組み合わせた「メタエピゲノム」解析を提唱した。琵琶湖の水圏細菌叢を対象とした解析では、HiFi リードを利用して 19 株のメタゲノムアセンブリゲノム(MAG)を得られた。この MAG からは 22 のメチル化モチーフが検出され、そのうち 9 モチーフは新規配列であることが分かった。さらに、各モチーフに対応するメチル化酵素遺伝子を推定し、4 つの酵素について大腸菌を用いた実験から対応関係を実証した。我々は現在、海洋細菌叢を対象とした解析も実施しており、新規なものを含む数多くのメチル化モチーフとメチル化酵素遺伝子を MAG 中から検出している。培養ベースの解析ではアプローチが困難であった環境細菌叢の DNA 修飾を調べ、これらがどのような生態学的な意義を持つのかを明らかにしていく上で、メタエピゲノム解析は有効な手段である。

Reference: Hiraoka et al. Nature Communications.10,159. (2019)