

# イプシロンプロテオバクテリアの溶原ファージのゲノム多様性と 宿主との進化的相互関係

○吉田ゆかり, 高木善弘, 布浦拓郎, 高井研 (海洋研究開発機構)

世界各地の深海底熱水活動域において、イプシロンプロテオバクテリア（綱）の化学合成独立栄養細菌は、重要な一次生産者として最も普遍的に優占している系統群である。熱水環境に生息するイプシロンプロテオバクテリアは、株レベルで多様なエネルギー代謝能を有しているが、その多様な代謝能は系統関係を反映しないことから、代謝遺伝子が水平伝播により獲得されてきたとの見方が有力である。また、同じ系統群に分類される胃癌原因菌 *Helicobacter pylori* などの病原性細菌の祖先型であることから、多様な生息環境への適応能とともに病原性関連遺伝子の獲得機構の解明が期待される。我々はこのような細菌への多様性を付与する遺伝子伝播因子の一つとして、ウイルスに着目し、「イプシロンプロテオバクテリア-ウイルス」間の生物学的・進化的相互関係を解明に向けた研究を行っている。本研究では、イプシロンプロテオバクテリアに感染するファージを単離し、そのゲノム解析を行うことで、宿主との進化的相互関係について調べた。

NT08-13 航海および NT09-11 航海において沖縄トラフ鳩間海丘から採取した試料から、イプシロンプロテオバクテリア綱の *Nitratiruptor* 属に属する細菌を 5 株単離した。以前に伊平屋海丘から単離された SB155-2 株 (Nakagawa S. et al. 2005) を含む計 6 株の *Nitratiruptor* 属の単離株に対し、マイトマイシン C 添加によるファージ誘発試験を行ったところ、5 株でファージ粒子が確認された。これらの粒子を電子顕微鏡により観察した結果、いずれも頭部と非収縮性の尾部を有する *Siphoviridae* に分類された。これらのゲノムは約 37 ~43 kbp、GC 含量 39%の二本鎖 DNA であった。比較ゲノム解析により、これらのファージのゲノムは大きく 3 タイプに分類され、各タイプで多様であったものの、全てのタイプに共通な遺伝子も多く存在していた。この結果は、これらのファージが共通の祖先ファージを有しているものの、特定の宿主株に感染するために、変異や遺伝子伝播などによって現在のように進化・多様化したことを示唆する。一方、外来核酸に対する獲得免疫機構として近年注目されている CRISPR (Clustered regularly interspaced short palindromic repeats)-Cas (CRISPR-associated) システムが、*Nitratiruptor* 属の単離株のゲノム中に存在しており、CRISPR 領域のスペーサー配列において、ファージゲノムと相同性を示す配列が複数検出された。スペーサー配列は過去に感染した外来核酸に由来することから、これらの *Nitratiruptor* 属の単離株が、これまでに複数回に渡り多様なファージによる感染を受けてきたものと考えられる。また、ファージの中には、自身の宿主ゲノム上のスペーサー配列と相同性を示すものもあったことから、ファージ側も自身のゲノムを変異させることで、宿主の免疫に対抗してきたことが示唆された。このようにファージと宿主が互いに攻防を繰り返しながら両者が共進化し、多様化してきたことが示唆された。

## 参考文献

Nakagawa S. et al. 2005. Distribution, phylogenetic diversity and physiological characteristics of epsilon-Proteobacteria in a deep-sea hydrothermal field. *Environ. Microbiol.* 7:1619-632.