

2023 年度年次報告書

ゲノムスケールの DNA 設計・合成による細胞制御技術の創出

2020 年度採択研究代表者

鈴木 志野

宇宙航空研究開発機構 宇宙科学研究所  
准教授

超還元環境ゲノムの代謝・遺伝機能再現から紐解く初期生命進化

主たる共同研究者:

清水 義宏 (理化学研究所 生命機能科学研究センター チームリーダー)

## 研究成果の概要

本研究においては、初期地球類似環境に生きる微生物群集のゲノム情報に基づき、初期的なエネルギー代謝システム、遺伝システムの理解を深化させることを目指している。炭素固定経路として最も古く、保存性が高いと考えられていた還元的アセチル CoA 経路の多様性に関する解析を推進しているが、各種極限的な環境に生きる微生物では、これらの保存性が低く、多様な経路がある可能性が示唆された。

また、遺伝子システムに関しては、Candidate Phyla Radiation (CPR) は、系統的に古いのか否かを検討している。今年度は、CPR のもつ小さいゲノムが進化的にどのような意味を持つのかに関する検討を行った。同様に小さいゲノムを持つ細胞内共生菌や寄生菌が近代のゲノム合理化の結果だと考えられていることから、CPR ゲノムとゲノム合理化が想定される共生菌・寄生菌の比較を行った。その結果、ゲノムにおける遺伝子密度、個々の遺伝子の長さに加え、リボソーム蛋白・リボソーム生合成性因子の構成に顕著な違いがみられた。このことから、CPR は進化過程のかなり初期段階で、わかれたものと推定された。

転写システムの機能モジュール合成に関しては、前年度に引き続き、独自に構築した無細胞翻訳系 PURE system と転写システムを融合させた系を用い、CPR 由来のシグマ因子・コア酵素が機能可能なプロモータ領域の探索を行っている。翻訳システムの機能モジュールの合成および機能解析についても、引き続き、大腸菌リボソームの再構成研究をベースとした研究を進展させている。独自に構築した、生理的な条件下でのリボソーム再構成法を用い、転写調整した rRNA を用いたリボソーム大サブユニットの再構成法の検討を行っている。

### 【代表的な原著論文情報】

- 1) Thompson Jaclyn , Barr Casey , Babcock-Adams Lydia , Bird Lina , La Cava Eugenio , Garber Arkadiy , Hongoh Yuichi , Liu Mark , Neelson Kenneth H. , Okamoto Akihiro , Repeta Daniel , Suzuki Shino , Tacto Clarissa , Tashjian Michelle , Merino Nancy Insights into the physiological and genomic characterization of three bacterial isolates from a highly alkaline, terrestrial serpentinizing system, Front. Microbiol.