

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

2022 年度
年次報告書

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。これまで初期地球類似環境から得られた微生物のもつアセチル CoA 経路は単純化されていることを示してきたが、その単純化したシステムが蛇紋岩化反応サイトに広く分布すること、その単純化した経路に残る遺伝子群の多くは、概ね生命共通祖先が持つと想定される 300 個程度の遺伝子からなる経路であることなどを明らかにし、この経路が初期的経路の痕跡である可能性を示した。現在この単純なアセチル CoA 経路にコードされる鍵遺伝子を発現させ、特性解析を進めている。

また、遺伝子システムに関しては、リボソームを対象とした進化学的・数理統計学的解析から、Candidate Phyla Radiation (CPR) のリボソームの生合成因子が大きく欠損していること、リボソームの構造と生合成関連遺伝子は共進化していること、リボソーム生合成因子は CPR と他のバクテリアとはかなり初期の段階で分岐していることなどを見出した。また、CPR の転写システムの機能モジュール合成に関しては、前年度に構築したシグマ因子およびコア酵素の活性の測定が可能となる無細胞翻訳系 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は、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。昨年度までに構築した、生理的な条件下でのリボソーム再構成条件を用い、再構成させたリボソームを構造的・特性解析に供することで、生理的条件下におけるリボソーム生合成の分子基盤の解析を行っている。

【代表的な原著論文情報】

- 1) Shimizu, Y., Tanimura, N., Matsuura, T., ePURE_JSBML: A Tool for Constructing a Deterministic Model of a Reconstituted Escherichia coli Protein Translation System with a User-Specified Nucleic Acid Sequence. *Adv. Biology* 2023, 7, 2200177.
- 2) Nobu, M.K., Nakai, R., Tamazawa, S., Mori, H. Toyoda, A., Ijiri, A., Suzuki, S. Kurokawa, K., Kamagata, Y., Tamaki, H.. Unique H₂-utilizing lithotrophy in serpentinite-hosted systems. *ISME J* 17, 95–104 (2023).