

戦略的国際科学技術協力推進事業（日本－フランス研究交流）

1. 研究課題名：「シンカイヒバリガイ *Bathymodiolus azoricus* のゲノム科学的解析：化学合成細菌共生と極限環境応答のメカニズムの解析」
2. 研究期間：平成 22 年 1 月～平成 25 年 3 月
3. 支援額： 総額 14,501,000 円（間接経費含む）
4. 主な参加研究者名：

日本側（研究代表者を含め 6 名までを記載）

	氏名	所属	役職
研究代表者	佐藤矩行	沖縄科学技術大学院大学	教授
研究者	将口栄一	沖縄科学技術大学院大学	グループリーダー
研究者	川島 武士	沖縄科学技術大学院大学	グループリーダー
研究者	濱田麻友子	沖縄科学技術大学院大学	研究員
研究者	竹内猛	沖縄科学技術大学院大学	研究員
研究者	小柳亮	沖縄科学技術大学院大学	研究員
参加研究者 のべ 6 名			

相手側（研究代表者を含め 6 名までを記載）

	氏名	所属	役職
研究代表者	フランソワ・ラリエー	パリ大学-6、 ロスコフ海洋研究所	教授
研究者	アルナード・タン グイ	パリ大学-6、 ロスコフ海洋研究所	準教授
研究者	デディーエ・ジョ リベット	パリ大学-6、 ロスコフ海洋研究所	研究員
研究者	ジーン・マリイ	パリ大学-6、 ロスコフ海洋研究所	研究員
研究者			
研究者			
参加研究者 のべ 4 名			

5. 研究・交流の目的

本研究・交流の目的は、動物ゲノムの解析に卓越した技術と経験を有する日本側研究グループ（沖縄科学技術大学院大学・マリンゲノミクス・ユニット）と、深海動物シンカイヒバリガの化学合成エコシステムで世界をリードするフランス側研究グループ（パリ大学-6、ロスコフ海洋研究所）が研究協力・交流し、硫酸酸化細菌とメタン酸化細菌の両方を共生させ化学合成により栄養を得ているシンカイヒバリガイ *Bathymodiolus azoricus* のトランスクリプトーム解析およびゲノム解読を通して、深海という極限環境への応答の分子メカニズムを明らかにすることである。

6. 研究・交流の成果

6-1 研究の成果

本共同研究により、次世代シーケンサを駆使して、これまでに総計 68.7 Gb のゲノム塩基配列データを得た。シンカイヒバリガイ *Bathymodiolus azoricus* のゲノムサイズは約 1.3-2.5 Gb と推定されるので（軟体動物のゲノムは一般に大きく、このゲノムサイズはほぼ想定された範囲である）、68.7 Gb のデータ量は想定されるゲノムを 27-53 倍カバーし、いわゆる動物の一般的なゲノム解読で用いるデータ量としてほぼ基準値を満たしていると思われる。次に、このゲノムデータをアセンブル（集積）した結果、コンテイング N50=4.2

kb (最大コンテグ=15 kb)、コンテグ総数 756 Mb という結果を得た。現在スカフォールドを集積しているが、コンテグ N50=4.2 kb という値は、この動物のゲノムを解析する上でほぼ十分なデータの量と質と言える。

さらに、これらのデータを解析した結果、宿主 *B. azoricus* そのもののゲノム塩基配列だけでなく、*B. azoricus* のミトコンドリアのゲノム塩基配列、さらには、共生硫黄酸化細菌のゲノム塩基配列、共生メタン酸化細菌のゲノム塩基配列、バクテリアのゲノム塩基配列、ウイルスのゲノム塩基配列が含まれていることが分かった。

*B. azoricus* そのもののゲノム塩基配列から遺伝子予測を行ったところ、予備的な結果としてシンカイヒバリガイ *Bathymodiolus azoricus* は 34,151 個のタンパク質をコードする遺伝子を含むことが分かった。現在、その特徴を遺伝子の水平移動と関連させながら解析を行っている。

次にミトコンドリア・ゲノムについては、その約 17.5 kb のミトコンドリア・ゲノムの全塩基配列を決定し、さらにゲノム内の遺伝子配列順序を決定することができ、シンカイヒバリガイ類はこれまでに約 22 種が記載されているが、このデータをもとに、(独)海洋研究開発機構 (JAMSTEC) の丸山正研究グループと協同で、シンカイヒバリガイ類の分子系統学的解析を行ったところ、*Bathymodiolus azoricus* はニホンシンカイヒバリガイ (*Bathymodiolus japonicus*) とは別のグループに属することが確かめられた。この結果はこれから、*B. azoricus* と *B. japonicus* の間での化学合成細菌の共生関係の進化を比較解析していく上で重要な基礎データである。

さらに、共生硫黄酸化細菌の 1.5 Mb のゲノム塩基配列の全長をほぼ得ることができた。これを、ドイツの Dubilier グループ、ラリエ・グループ、佐藤グループの協同で解析した結果、この共生硫黄酸化細菌ゲノム内に、毒素タンパク質をコードする遺伝子が多数存在することが明らかになってきている。

## 6-2 人的交流の成果

本交流事業をもとに、平成24年5月にフランスにおける国際ワークショップ、また同年10月に日本における国際会議を開催できた。

まず、平成24年5月23-25日に、フランス側代表研究者フランソワ・ラリエの主催による JST/CNRS ワークショップ「深海における化学合成細菌共生のゲノム科学の進展」が開催された (添付1)。深海動物の研究グループは数多いものの、その分子生物学的・ゲノム科学的研究グループは世界で8グループ程しかなく、その内の2/3研究グループが参加した。また参加できなかったグループからはメールで研究内容の連絡があった。このワークショップで、各グループがもつ最新のデータを議論し合った結果、上述したように、ミトコンドリア・ゲノムについては JAMSTEC の丸山正研究グループとの共同研究が、化学合成細菌共生のゲノム解析についてドイツのマックスプランク海洋微生物研究所の Nicole Dubilier の研究グループとの共同研究が始まった。すなわち、本研究交流事業により、二国間を超えた世界的研究交流の場が生まれだしている。

次に、平成24年10月14-19日に、自然科学研究機構基礎生物学研究所と共に、岡崎生物学会議 (OBC) 9「海洋生物学 II」を共同開催した (添付2)。これは基礎生物学研究所が毎年テーマを決めて行っている OBC がこの年のテーマを「共生の生物学」としたこともあって本交流事業との共同開催となった。これには世界各国からこの分野で活躍する研究者を一同に会して行われた。前半を愛知県岡崎市の基礎生物学研究所で、後半を沖縄県恩納村の沖縄科学技術大学院大学で6日に渡り、共生に関するそれぞれの分野で活発な発表と議論があった。ここでは、深海動物の化学合成細菌との共生を含めて、多岐にわたる共生の分野での活発な議論が展開された。なお、この国際会議の最後の総合討論で、この会議の発表・議論はこれからのこの分野の研究の発展のために非常に有効であることから、*Evolution & Development* 誌にその討議内容を公表することとなっている。

7. 主な論文発表・特許等（5件以内）

相手側との共著論文については、その旨を備考欄にご記載ください。

論文 or 特許	・論文の場合： 著者名、タイトル、掲載誌名、巻、号、ページ、発行年 ・特許の場合： 知的財産権の種類、発明等の名称、出願国、出願日、 出願番号、出願人、発明者等	備考
	なし	