

「バクテリアにおける生殖操作遺伝子の探 索」

環境情報学部 4年 藁科友朗

1. はじめに

2.1 概要

ボルバキア (*Wolbachia*) は昆虫やフィラリア線虫など体内に生息する共生細菌の一種であり、宿主の生殖操作 (オス殺し、メス化 [性転換]、単為生殖など) を行うことが知られている[1]。本研究では *Wolbachia* の生殖操作の仕組みの1つである細胞質不和合性 (*Wolbachia* に感染したメスが産む卵のみを受精させる) の遺伝子に着目し、「遺伝子の獲得と喪失の歴史」の視点から探索を行う。

2.2 研究背景

Wolbachia は α プロテオバクテリア綱に分類され、昆虫やフィラリア線虫など体内に生息する共生細菌の一種である[1]。 *Wolbachia* は宿主の生殖操作を行うことが知られており、生殖操作として最も一般的な操作である細胞質不和合性の遺伝子 (WO phage) が解明された[2]。ボルバキアに感染したオスの精子は、同じ *Wolbachia* に感染したメスが産む卵のみを受精させ、感染していない卵子と受精しても胚発生過程の初期の段階で死亡する現象が細胞質不和合である (図1)。

Wolbachia の細胞不和合遺伝子を利用して、デング熱やジカなどの蚊が媒介する感染症を制限するために使用されている[3]。

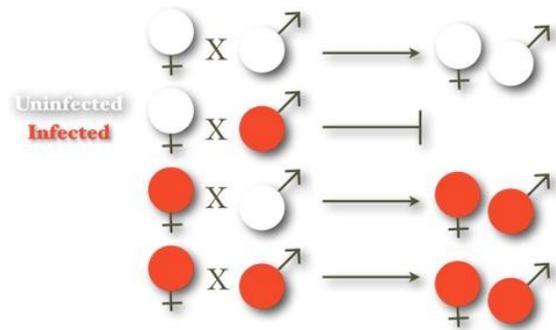


図1：細胞質不和合性の仕組み (<http://kageyama000.hatenablog.com/entry/20090629/p1>より転載)

次世代シーケンサーの登場により、ゲノムを高速で安価にシーケンスを行うことが可能になり、様々なゲノム配列情報が公共データベースに登録されている[4]。

2.3 研究目的

個別の細菌における生殖操作遺伝子の分布を調べ、生殖操作遺伝子の獲得と喪失の進化的イベントについての知見を深める。

2. 研究手法

Wolbachia sp. wKue の WO フェージ

(ACCESSION : AB036666) ゲノムは National Center for Biotechnology Information (NCBI) の GenBank データベースよりダウンロードを行った。また、細菌における

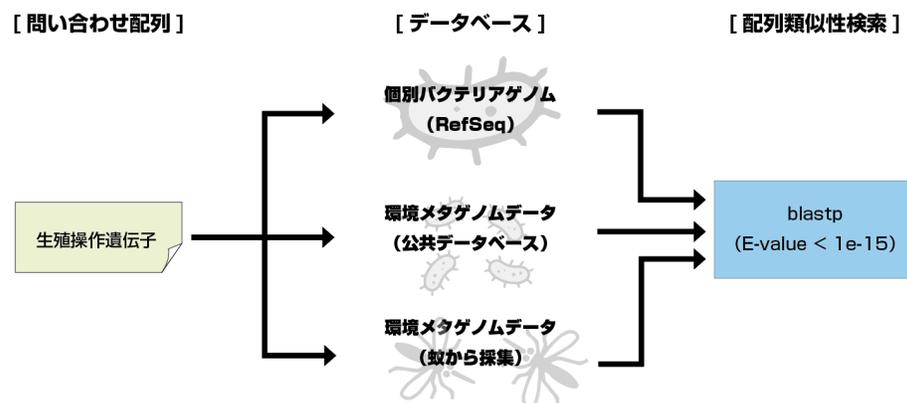


図2：細菌における生殖操作遺伝子の検出手法

Wolbachia WO フェージの分布を調査するために、National Center for Biotechnology Information (NCBI) のReference Sequence (RefSeq) データベース (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq/>) に登録されている全バクテリアゲノムをダウンロードを2019年09月23日にGenBank形式でダウンロードを行った。

3. 結果と考察

Wolbachia sp. wKue株のWO フェージに含まれる、32個の遺伝子をたLS-BSR パイプラインを用いて、TBLASTNプログラムによる配列類似性検索を行った。WO フェージ遺伝子のアミノ酸配列を問い合わせ配列、RefSeqデータベースからダウンロードした172185株のゲノム塩基配列をデータベースとした。WO フェージ遺伝子に対する保存度 [BSR 値 (BLAST score ratio)] を示したヒートマップを図3に示した。先行研究と同様に、BSR値 > 0.7 を閾値として、遺伝子の存在を判定した。その結果、アルファプロテオバクテリア綱に分類され、ゾウリムシの核内に共生する *Holospora undulata* と *Holospora obtusa* F1の細菌2種が、WO フェージの遺伝子と高い配列類似性のあ

る遺伝子が保存されていることが示唆された。他種の遺伝子の獲得にはバクテリオフェージの感染や種の異なる細菌の接合による他の細胞のDNAの取り込みなどが知られており、*Holospora*がどのように *Wolbachia* の生殖操作遺伝子を獲得したのかを今後詳細な解析を行いたいと考えている。

4. 引用文献

- 1) Werren et al., Annual review of entomology 42.1 (1997): 587-609.
- 2) Bordenstein, S. R., & Bordenstein, S. R. (2016). Eukaryotic association module in phage WO genomes from *Wolbachia*. Nature communications, 7(1), 1-10.
- 3) Hoffmann et al., Nature 476.7361 (2011): 454.
- 4) O'Leary, N. A., Wright, M. W., Brister, J. R., Ciuffo, S., Haddad, D., McVeigh, R., ... & Astashyn, A. (2016). Reference sequence (RefSeq) database at NCBI: current status, taxonomic expansion, and

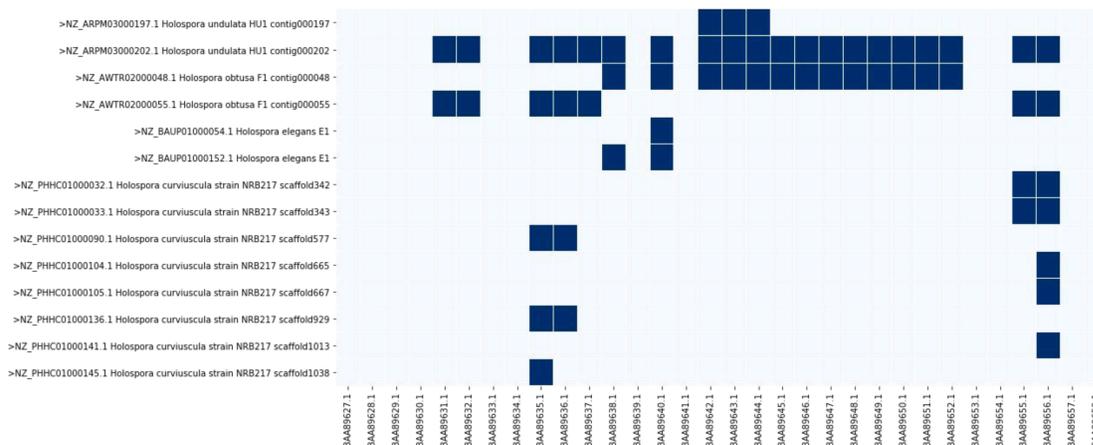


図3 : *Holospora* spp. 4種におけるWOフェージの保存度を示したヒートマップ
青く示した遺伝子は配列の類似性が高いことを意味する

functional annotation. Nucleic acids
research, 44(D1), D733-D745.