

南極細菌のゲノムレベルでの環境適応

馬場知哉¹、阿部貴志²、豊田敦³、藤山秋佐夫^{3,4}、伊村智⁵、神田啓史⁵、本山秀明⁵、仁木宏典³

¹ 情報・システム研究機構／新領域融合研究センター

² 新潟大学

³ 国立遺伝学研究所

⁴ 国立情報学研究所

⁵ 国立極地研究所

Genome-wide Environmental Adaptation of an Antarctic Bacterium

Tomoya BABA¹, Takashi ABE², Atsushi TOYODA³, Asao FUJIYAMA^{3,4}, Satoshi IMURA⁵,
Hiroshi KANDA⁵, Hideaki MOTOYAMA⁵ and Hironori NIKI³

¹Research Organization of Information and Systems / Transdisciplinary Research Integration Center

²Niigata University

³National Institute of Genetics

⁴National Institute of Informatics

⁵National Institute of Polar Research

All of the living organisms have been adapted to global environmental changes on the Earth. Antarctica, which has dramatically changed its climate since 65 million years ago, is current extreme environment for organisms to survive by low temperature, freezing desiccation and so on^{1,2}. Organisms living on Antarctica have evolved adjusting themselves to the environments and constructed unique biosphere, for example “bio mat” or “moss pillars” in some of ultraoligotrophic lakes³. Community analysis of “moss pillars” based on 16S/18S rRNA phylotypes showed more than 60% of them as novel species, suggesting endemic evolution of the organisms in the Antarctic environment^{4,5}. However, the precise evaluations for evolutionary relationships among related organism species of Antarctica and other continents are remaining unsettled. Here we report that the genome analysis of an Antarctic bacterium, *Pseudomonas* sp. MP1, isolated from a “moss pillar” reveals the evidence of genome-wide adaptation to lower temperature environmental condition. Bacteria of the genus *Pseudomonas* inhabit a wide variety of environments as cosmopolitan species all over the world. We found that the relative proportions of amino acids of genes on MP1 genome were different compared to those on *Pseudomonas* genomes isolated from other continents and depended on their adapted growing temperatures. Furthermore, we evaluated evolutionary significance for mesophilic or psychrophilic genome properties of each *Pseudomonas* species. Our results demonstrate how bacteria adapt and evolve adjusting themselves to the living environments. We would like to discuss our study to be a starting point for more sophisticated model of bacterial genome-wide evolution and adaptation to global environmental changes.

地球上の全ての生物は環境変動に適応することで今日まで生存してきた。南極大陸は 6,500 万年前からの急激な温度変化を経て、現在の低温、凍結、乾燥など生物には過酷な環境になったと考えられている^{1,2}。南極大陸上の生物はこうした環境に自らを適応させながら進化し、例えば、貧栄養の湖にバイオマットやコケ坊主といった生物圏を成立させることにより生存を可能にしている³。コケ坊主を構成する生物種の 16S および 18S rRNA の系統解析の結果からは 60%以上の生物種が既知の生物種とは異なる新規な生物種であることが示され、南極環境下での生物の固有な進化が示唆されている^{4,5}。しかしながら、南極と他の大陸の近縁な生物種間での進化に関する精密な評価は未解決のままであり、今回、我々は南極のコケ坊主から分離した *Pseudomonas* 属細菌 MP1 株のゲノム解析から、この細菌の低温環境へのゲノムレベルでの適応・進化の詳細を明らかにした。*Pseudomonas* 属細菌は世界中に広く分布する汎存種であり、様々な環境での生息が知られている。南極 *Pseudomonas* 属細菌 MP1 株のゲノム上の全タンパク質遺伝子についてアミノ酸組成比を調べたところ、他の大陸で分離された *Pseudomonas* 属細菌株のものとは異なり、それぞれの菌株が適応した生育温度との関連性が認められた。さらに、我々は各 *Pseudomonas* 属細菌株の中温あるいは低温に適応したゲノム特性の進化的意義に関する評価も行った。本研究は細菌の生存環境への適応と進化について新たな知見を与えるものであり、本発表では地球環境変動に対する細菌のゲノムレベルでの適応・進化のモデルに関する考察を行う予定である。

References

1. Zachos J, Pagani M, Sloan L, Thomas E & Billups K, Trends, rhythms, and aberrations in global climate 65 Ma to present, *Science*, **292**, 686–693, 2001.
2. DeConto RM & Pollard D, Rapid Cenozoic glaciation of Antarctica induced by declining atmospheric CO₂, *Nature*, **421**, 245–249, 2003.
3. Imura S, Bando T, Saito S, Seto K, Kanda H, Benthic moss pillars in Antarctic lakes, *Polar Biol*, **22**, 137–140, 1999.
4. Nakai R, Abe T, Baba T, Imura S, Kagoshima H, Kanda H, Kanekiyo A, Kohara Y, Koi A, Nakamura K, Narita T, Niki H, Yanagihara K, Naganuma T, Microflorae of aquatic moss pillars in a freshwater lake, East Antarctica, based on fatty acid and 16S rRNA gene analyses, *Polar Biol*, **35**, 425–433, 2012.
5. Nakai R, Abe T, Baba T, Imura S, Kagoshima H, Kanda H, Kohara Y, Koi A, Niki H, Yanagihara K, Naganuma T, Eukaryotic phylotypes in aquatic moss pillars inhabiting a freshwater lake in East Antarctica, based on 18S rRNA gene analysis, *Polar Biol*, **35**, 1495–1504, 2012.