

偶然？必然？微生物の機能遺伝子 —その遺伝子型と地理的分布—

坪井 隼

錦織圭選手の日覚ましい活躍により注目されたテニス界。ある調査では、テニスは1億1千万人の競技者人口を抱える、世界中で親しまれているスポーツの一つである。その最高峰の大会である四大大会(グランドスラム)は、大別して3種類のコートで行われる。天然芝のウィンブルドン(全英)、コンクリートのベースに合成樹脂などをコーティングしたハードコートの全米・全豪、アンツーカーから作られたクレールコートの全仏。アンツーカーとは、焼成赤レンガを砕いた粉のことで、これで作られたコートはヨーロッパに多い。他方、日本で主流の砂入り人工芝のコートは海外には少ない。このようなテニスコートの地域性はおそらく、その地域の文化や気候といった地理的環境の違いによる必然の結果である。

ところで、環境に生息する微生物も世界中に存在しているが、その環境微生物の地理的分布について、オランダの科学者であるBaas Beckingは“すべての微生物はどこにでもいる、ただし環境が選択しなければ”という微生物群集の環境選択に関する仮説(Baas-Becking仮説)を提唱した¹⁾。分子生物学的手法の進展とともにリボソーム小サブユニット遺伝子による未培養のものを含む環境微生物の系統解析が一般的になり、その結果からBaas-Becking仮説で重要視された環境条件に加えて地理的な距離も微生物群集構造に強く影響することが示されたことから¹⁾、現在、環境微生物の地理的分布もまた必然的に決まると考えられている。

では、地球の物質循環に重要な役割を果たす環境微生物、その物質循環機能を担う遺伝子(機能遺伝子)の地理的分布はどうだろうか？一般的に、生物の持つ同じ機能遺伝子にも突然変異に起因する配列の違い(遺伝子型)が存在する。突然変異により生じた特定の遺伝子型がある生物集団に定着するには、環境選択と遺伝的浮動という条件が必要と考えられている²⁾(遺伝的浮動とは、ある遺伝子が突然変異を起こした後、ランダムな確率的抜き出しによりその遺伝子型がある集団に定着することをいう)。つまり、環境微生物の機能遺伝子の遺伝子型もまた、突然変異を起こした後、環境選択という“必然性”と遺伝的浮動という“偶然性”により生じるといえる。

環境微生物の持つ機能遺伝子の遺伝子型の地理的分布の必然性と偶然性という観点において、環境選択の重要性がより強調された報告があり、ここで2報ご紹介した

い。Tuらは北アメリカの6か所(針葉樹林1か所、落葉樹林2か所、熱帯雨林2か所、高山ツンドラ林1か所)の森林土壌におけるニトロゲナーゼ遺伝子(*nifH*)の遺伝子型の検出パターンを比較した³⁾。この研究では、異なる森林土壌での*nifH*の優占配列の明確な違いが報告され、統計的な解析を通じて、それらが調査地点の緯度、年平均気温、植物種の豊富さ及び降水量に強く影響されていたことが示された³⁾。また、Sintesらは大西洋の北部から南部(亜南極海域)にかけてアンモニア酸化アーキア(AOA)の持つアンモニア酸化酵素(*Amo*)遺伝子(*amoA*)の遺伝子型を調べた⁴⁾。AOAには高アンモニア濃度環境及び低アンモニア濃度環境に各々適応した生態型があることは既に知られていた⁵⁾。この研究では、二つの生態型間で*amoA*の遺伝子型が明らかに異なり、またそれは*Amo*の立体構造や活性に影響するであろうアミノ酸レベルでも観察された。さらに、具体的な環境条件は示せなかったが、*Amo*アミノ酸配列において、環境選択圧を評価する指標であるdN/dS(非同義置換率/同義置換率)値⁶⁾が両生態型間で異なっていたため、*amoA*の遺伝子型の決定に環境選択圧が存在する可能性が考えられた。

以上二つの研究例は、環境微生物の持つ機能遺伝子の遺伝子型の地理的分布は決して偶然ではなく、環境選択という必然によるもので、さらにその遺伝子型から作られるタンパク質の活性を通して、その決定が地球の物質循環にまでも影響する可能性を示唆している。

テニスにも、環境に適したコートがあり、そのコートに適したプレースタイルがあり、そして、そのプレースタイルを得意とする選手がいる。それはまるで環境微生物の機能遺伝子の遺伝子型とその地理的分布の関係のようだ。そんな人間と微生物の共通点を意識して、グランドスラムを観戦してみても、面白いかもしれない。

- 1) Bissett, A. *et al.*: *Mol. Ecol.*, **19**, 4315 (2010).
- 2) 太田朋子: 分子進化のほぼ中立説, 講談社 (2009).
- 3) Tu, Q. *et al.*: *Mol. Ecol.*, **25**, 2937 (2016).
- 4) Sintes, E. *et al.*: *Front. Microbiol.*, **7**, DOI: 10.3389/fmicb.2016.00077 (2016).
- 5) Sintes, E. *et al.*: *Environ. Microbiol.*, **15**, 1647 (2013).
- 6) 松井淳ら: 統計数理, **56**, 101 (2008).