

生物進化の実験室としての南極の湖沼生物圏

馬場知哉¹、阿部貴志²、豊田敦³、中井亮佑³、長沼毅⁴、藤山秋佐夫^{3,5}、
伊村智⁶、神田啓史⁶、本山秀明⁶、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 広島大学, ⁵ 国立情報学研究所, ⁶ 国立極地研究所

Biosphere of an Antarctic Lake as a Natural Laboratory of Biological Evolutions

Tomoya BABA¹, Takashi ABE², Atsushi TOYODA³, Ryosuke NAKAI³, Takeshi NAGANUMA⁴, Asao FUJIYAMA^{3,5},
Satoshi IMURA⁶, Hiroshi KANDA⁶, Hideaki MOTOYAMA⁶ and Hironori NIKI³

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

²Niigata University, ³National Institute of Genetics

⁴Hiroshima University, ⁵National Institute of Informatics, ⁶National Institute of Polar Research

All of 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. Organisms living on Antarctica have evolved adjusting themselves to the environments and constructed unique biospheres, for example “bio-mat” and “moss pillars” in some of ultraoligotrophic lakes {1}. Community analyses of moss pillars of Lake Hotoke-Ike, Skarvsnes in East Antarctica, showed more than 60% of species as novel ones based on 16S rRNA phylotypes, suggesting endemic evolution of bacteria in the Antarctic environment {2}. However, the genomic evaluations for evolutionary relationships among related species of Antarctica and other continents are remaining unsettled. Here, we have succeeded the genome analyses of 12 bacteria species isolated from the biosphere of an Antarctic moss pillar. It was revealed by comparative genomics studies that a lot of genes were horizontally transferred from genomes of distant species. It was suggested that gene-sharing or gene-accumulation on these genomes of functional genes for nitrogen cycle, CO₂ fixation, photoactive-proteins and so on by the highest rates of horizontal gene transfers provide co-evolutions and promote environmental adaptations in the Antarctic biosphere. We will discuss the biospheres of Antarctic lakes as natural laboratories of biological evolutions on the Earth from the perspective of genome science.

全ての地球上の生物は環境変動に適応することで今日までの生存を可能にしてきた。南極大陸は 6,500 万年前からの劇的な温度変化を経て、現在の低温、凍結、乾燥など生物にとり過酷な環境になったと考えられている。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{1}。東南極、スカルプスネスの仏池のコケ坊主を構成する細菌の 16S rRNA の系統解析からは 60%以上が新規な細菌種であることが示され、南極環境下での細菌の固有な進化が示唆されている{2}。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ついてゲノムレベルでの評価は未解決の課題である。我々は南極のコケ坊主生物圏から分離された 12 種の細菌ゲノムの解析に成功し、比較ゲノム解析から多くの遺伝子で遠縁種のゲノムからの水平伝播が明らかにされた。窒素循環、炭酸固定、光活性タンパク質などの機能性遺伝子が、これまでに無い高い割合での水平伝播により、これらのゲノム上への分配と集積がなされ、それが南極の生物圏における共進化と環境適応を促すことが示唆された。本発表では地球上における生物進化の実験室としての南極の湖沼生物圏についてゲノム科学の観点からの議論を行う。

References

1. Imura S, Bando T, Saito S, Seto K, Kanda H, Benthic moss pillars in Antarctic lakes, *Polar Biol*, **22**, 137–140, 1999.
2. 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.