

【東京農業大学（共同研究）】油糧酵母ロドトルラ属の全ゲノム解析から実験室下での染色体変異の蓄積を発見

発表者

小林裕樹（東京農業大学総合研究所 酵母多様性生物学・分類学研究室※ 博士研究員）

大熊盛也（理化学研究所 バイオリソース研究センター 微生物材料開発室室長）

青木敬太（東京農業大学総合研究所 酵母多様性生物学・分類学研究室※ 特命准教授）

田中尚人（東京農業大学 生命科学部分子微生物学科 教授）

高島昌子（東京農業大学総合研究所 酵母多様性生物学・分類学研究室※ 特命教授）

※公益財団法人発酵研究所による寄附講座

発表のポイント

・脂質生産性の酵母 *Rhodotorula toruloides* の全ゲノムを解読し、染色体全長レベルのゲノム情報を整備した。

・ゲノムの比較解析から、保存菌株において培養過程で生じたとみられる染色体構造変異が存在することを確認し、自然界では通常発生しない変化が実験室下で起こっていることを発見した。

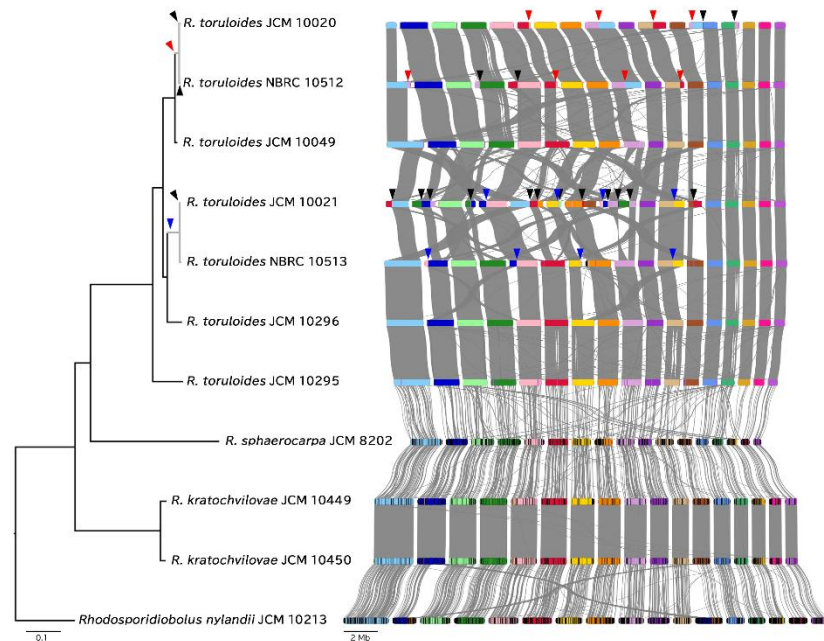
研究内容

酵母とは、アルコールの醸造やパンの製造に使用される出芽酵母 *Saccharomyces cerevisiae* に代表される、単細胞性の真菌類の総称です。代表種である *S. cerevisiae* は子囊菌¹⁾と呼ばれる菌類のグループに属しますが、菌類のもう一つの主要グループである担子菌²⁾にも酵母の形態をとる菌類は多く存在します。その中で、担子菌の *Rhodotorula toruloides* は赤桃色のコロニーを形成する酵母の一種で、発酵の活性は持ちませんが細胞内に脂質を蓄積する特徴があるため、バイオ燃料の生産などへの利用が期待されています。

今回、東京農業大学総合研究所酵母多様性生物学・分類学研究室、理化学研究所バイオリソース研究センターを中心とした研究グループでは、この酵母のゲノム情報を整備するとともに種内の多様性を調査するため、*R. toruloides* を中心としてリソースセンターに保存されている4種11株の酵母の全ゲノムを解読し、染色体全長レベルのゲノム情報を構築しました。その結果、この仲間の酵母の染色体構造は多くの菌株で概ね保存されている一方で、*R. toruloides* の一部菌株において多数の染色体の転座が確認されました(図)。この染色体構造の違いは系統関係と照らし合わせると明らかに不自然であり、また同一の単離株由来の菌株間にも複数の転

座が見られることから(図)、人為的な培養下で発生した、自然界では通常発生しない変化であると考えられます。これらの染色体構造変異の起こった菌株は外見적으로는目立った違いがなく、今回の染色体全長レベルのゲノム情報によって初めて判明した変異になります。

微生物にはさまざまな生理活性を持つものがあるため、物質生産をはじめ多くの利用がなされています。今回見つかった染色体の構造変異は、見た目の性質には大きな違いがなくても掛け合わせによる育種などに影響を与える可能性があるため、微生物資源の品質管理において重要な知見となります。



図：解読した菌株の系統関係と染色体構造。系統樹上の灰色の枝は実験室下で分岐した菌株。黒い矢印と赤・青の矢印は菌株特異的・系統特異的な転座(右)とその発生したタイミング(左)を示す。

- 1) 担子菌：菌類の一群で、マツタケやホンシメジなどキノコの多くを含む仲間。
- 2) 子囊菌：菌類の一群で、コウジカビやアオカビ、パン酵母などを含む仲間。

論文情報

Chromosome-resolved genome assemblies of *Rhodotorula toruloides* reveal abnormal chromosomal evolution under artificial culture conditions

著者：Yuuki Kobayashi, Moriya Ohkuma, Keita Aoki, Naoto Tanaka, Masako Takashima

掲載誌：Scientific Reports

Doi：10.1038/s41598-025-31366-7

公開日: 2025 年 12 月 11 日 (オンライン公開)