

もシリコンの開発に成功すれば、間違いなくシリコンは光学材料として成長することになる。そのうえ、世界中に存在するシリコンを加工処理する製造基盤を考えてみよう。マイクロエレクトロニクス産業の遺産は莫大である。現在、マイクロエレクトロニクスデバイスを取り扱っている企業は、最先端技術における限界寸法である90nmを超えようと模索している。しかし、シリコンで作られるほとんどの光学デバイスは、予見できる未来には限界寸法が数百ナノメートルになる可能性が高い。光学デバイスがシリコンから製造されるならば、今後数世代にわたる光回路の製造基盤がすでに存在するというのだ。

これはエレクトロニクス産業で見てきたスケールの経済が、いつの日かフォトニクス産業にも当てはまるかもしれないということだ。1GHzの壁が取り除かれたこととシリコンの発光素子が間もなく生まれることだけが、シリコンフォトニクスの未来が変化している理由ではない。ここ数年間、シリコンは光回路の基板材料として理想的だとみなされてきた。シリコンの特性はよく研究されていて、「シリコンベンチ」つまりその上に部品をのせ、位置を調整し、外界と接続する精密に加工されたシリコンの層にとって非常に優れている。さらに、未来のネットワークのために、電子情報をシリコン光デバイスに加えることは比較的単純な仕事である。他のフォトニクスプラットフォームではこうは言えない。

目下のところ、情報産業は極めて厳しい不況を経験している。そのため、費用効率の高い技術的解決策の必要性がこれまでに強く強調されている。Liuらの高速シリコン光変調器のような画期的な成果によって、低価格のシリコン光スーパーチップが間もなく現実のものとなるかもしれない。

そこでもう一度「光回路は光回路にとってのシリコンをすでに見つけた」のか否かについて考えてみよう。シリコンはすでに世界中が使い慣れた電子材料であり、フォトニクス産業においても優位を占めることになる日が、いつか来るかもしれないのである。 ■

筆者の **Graham T. Reed** はサリー大学先端技術研究所 (the Advanced Technology Institute, University of Surrey, Guildford, Surrey GU2 7XH, UK) に所属している

e-mail: g.reed@surrey.ac.uk

1. Soref, R. A. *Proc. IEEE* **81**, 1687-1706 (1993).
2. Liu, A. *et al. Nature* **427**, 615-618 (2004).
3. Png, C. E., Reed, G. T., Atta, R. M. H., Ensell, G. J. & Evans, A. G. R. *Proc. SPIE* **4997**, 190-197 (2003).
4. Tang, C. K. & Reed, G. T. *Electron. Lett.* **31**, 451-452 (1995).
5. Dainesi, P. *et al. IEEE Photon. Technol. Lett.* **12**, 660-662 (2000).
6. Franzò, G., Coffa, S., Priolo, F. & Spinella, C. *J. Appl. Phys.* **81**, 2784-2793 (1997).
7. Canham, L. T. *Appl. Phys. Lett.* **57**, 1046-1048 (1990).
8. Pavesi, L., Dal Negro, L., Mazzoleni, G., Franzò, G. & Priolo, F. *Nature* **408**, 440-444 (2000).
9. Ng, W. L. *et al. Nature* **410**, 192-194 (2001).
10. Claps, R., Dimitropoulos, D., Raghunathan, V., Han, Y. & Jalali, B. *Optics Express* **11**, 1731-1739 (2003).

研究から得られた教訓は、現代の微生物学にあっても未だに生かされている。例えば、この10年で各種の分子的手法が開発されて、固有の生息域で自然に生育した微生物種を直接、研究調査できるようになった¹。

今回Tysonたち²は、生産スケールでのゲノム配列決定法や生物情報科学解析の手法を使い、固有生息域にいる微生物の群がりやを、これまでより一歩進んだ形で直接的に観察した。彼らは本誌3月4日号37ページで、自然群集から直接回収した大量の微生物ゲノム配列を整理・編集し、その成果を報告している。

彼らをとった方法は、全ゲノムショットガン方式というDNA配列決定法である。この方法で、多種類の微生物が混合した群集からDNAを一括採取して、これを短い断片に破碎し、次にこれらをコンピューターの助けを借りてつなぎ合わせ、本来のゲノムの塩基配列を復元する。この研究成果からは、多種類の混合した微生物群集を研究するうえで、ゲノム科学を利用した戦略が有用なことが明らかになるだけでなく、この種の戦略が本来的にもつ限界の一端も浮かび上がってくる。

今回の研究成果の真価を理解するには、舞台となる環境や役者となる微生物について少しばかりの基礎知識があれば役に立つ。Tysonたちが調べた微生物群集は比較的単純なもので、人間の手で作られた希少な生息環境で暮らしている。そのすみかとは、カリフォルニア州北部のシエラネバダ山脈にある廃鉱の排水溝である。この環境は、危険物質責任対処基金(スーパーファンド)による浄化対象箇所に分類される。というのも、ここに生息する微生物が黄鉄鉱(FeS_2)の廃石と相互作用して、大量の硫酸を生成しているからである³。

ここに繁茂している微生物の集合体は、自分たちが作り出した低pH(約0.5)で中温(40°C)、豊富な地球化学エネルギー源(FeS_2)という環境に適応している。この極端に酸性度の高い条件にエネルギー資源の相当な制限が加わって、選択により比較的単純な構成の群集ができあがった。Tysonたちはこれを、環境に対して新しいゲノム科学的手法を試すには理想的だと考えたわけである。この排水溝で主役級の微生物は、どうやら鉄や硫化物を酸化して暮らしているらしく、生物界の三大分類群⁴の2つ、つまり真正細菌と古細菌である。

Tysonたちが今回使ったゲノム科学的手法 ▶▶

野生種のゲノムを再構築

Edward F. DeLong

世界全体の自然界に存在する微生物の性質を解明するための興味深い方法の一つが、複雑な菌叢から全ゲノムを再構築するというやり方である。極めて酸性度の高い微生物生育環境は、そういう目的を達成できるような条件を備えているといえる。

原文: *Microbiology: Reconstructing the wild types*

Nature Vol.428(25-26)/4 March 2004; www.naturejpn.com/digest

ルーウェンフック(Antonie van Leeuwenhoek)は単式顕微鏡で観察して、微生物の世界について実に多くのことを発見した。その後ヴィノグラドスキー(Sergei

Winogradsky)は、自然界における硫黄循環に微生物が果たす役割を解き明かす一方で、自然状態の生息域で微生物を直接観察することの重要性を改めて示した。こうした初期の

の中身とは、全ゲノムショットガン法⁵そのものである。この方法はカリフォルニア州ウォルナットクリークにある米国エネルギー省の合同ゲノム研究所 (JGI) などの大規模 DNA 配列読み取りセンターで実践されているもので、今回の研究も JGI で行われた。酸性の排水溝から微生物バイオフィルムを適宜厚く切り取って採集したのち (図1)、DNA を抽出し、平均して 3,000 塩基の長さで切り分け、クローン化して、ショットガン法で塩基配列を読み取った。注目されるのは、わずか 5 万かそこらのクローン (およそ 7,600 万塩基対) のエンド配列解析で、廃鉱の排水溝微生物群集に含まれるいくつかの優占微生物から、長くて連続的なゲノム領域のつなぎ合わせ配列 (アセンブリ) を得られたことだ。

DNA 配列読み取りの段階をすませると、JGI の研究グループは膨大な数の短い DNA 読み取り配列をつなげて、もっと長い「骨格」(scaffold) を作った。全部で長さにして 1,000 万塩基対になる 1,183 本の骨格は、読み取り配列密度 (1 つの骨格における単位 DNA 長さあたりの個々の DNA 読み取り配列の数) と、グアニンとシトシン (G + C) の塩基含有率とを併用することで、別々の分類群に分けることができた。G + C 含量と DNA 読み取りカバー倍数 (読み取り配列が元のゲノムの何倍の長さあるか) を併用する方法を使って骨格を分類すると、混合した中から関連性のあるゲノム配列アセンブリを選り分けることができた。さらに、系統分類用の分子マーカーであるリボソーム RNA (rRNA) の位置が、個々のゲノム骨格を特異的な微生物分類群に関連づけるのに役立った。

G + C 含量が多く (55.8%) 読み取りカバー倍数が 10 倍の配列骨格には、わずか 1 種類の細菌 rRNA しか含まれていなかった。この rRNA は *Leptospirillum* 属の仲間のもので、合計で 230 万塩基対の DNA 配列を含んでいた。同様に、G + C 含量が少なく読み取りカバー倍数が 10 倍の配列骨格の分類群は、*Ferroplasma* 属の種に関連する合計約 180 万塩基対の一般的な古細菌の rRNA 型を 1 つだけ含んでおり、これは合計 180 万塩基対であった。JGI の生物情報科学研究グループは、生物群集に対する新しい迫り方をして、廃鉱の排水溝群集で繁栄する 2 つの微生物のものである大きいゲノム骨格を組み立てること

ができた。

これらの成果は予備的だが関係者には大いに励みとなるものだ。だが、得られた DNA 配列の出自、完全な遺伝的構造、同一性についての結論づけは、あくまで検証されるべき仮説として考えねばならない。Tyson たちが報告した種類のデータは、言うなれば平均的なゲノム構造であり、多種類が入り交じった個体群内にある多数の個々の細胞から得た DNA の断片をつなぎ合わせた一種のパッチワークキルトである。

例えば、*Leptospirillum* に対しては、推定で 1 億個もの *Leptospirillum* 様の細胞が 29,000 の DNA 読み取り配列アセンブリに参与した。読み取られた DNA 配列のそれぞれはおそらく、個体群内の別々の (そしてきっと遺伝的に同一ではない) 細胞に由来したものだ。そこで、短い DNA 配列をつなげて得た骨格は、現在ゲノム配列データベースに入っている単一のゲノム配列 (クローン化した実験室単離株から決定されたもの) とは大きくかけ離れた代物となる。このように環境から採取したゲノム配列アセンブリは、混合集団で得たアセンブリだという区別が明確になされるように、データベース内では慎重にマークしておく必要がある。

Leptospirillum 属の種の場合、ヌクレオチド多型率 (読み取り 1 回ごとの配列の違いの平均) は低く、およそ 0.08% だった。そこで、この *Leptospirillum* 集団に存在する遺伝的な不均一性は中程度にすぎないと見られた。それに対して、*Ferroplasma* 様の骨格は、骨格を作る読み取り配列どうしに、それよりもっと高い多型率が見られた (およそ 2.2%)。こうした多型の見られる位置や頻度から、*Ferroplasma* の多型は主として相同的組換えから生じたと Tyson たちは考えている。相同的組換えによって、微生物の細胞は外来性の長い DNA を自身のゲノムに組み込むことができる。

ただし、今回のデータに見られるパターンに対しては他の説明も考えられる。例えば、この個体群がもともと、はるかに複雑に入り交じったものだったのが、最近になって淘汰され、非常に近縁だが同一ではない多型のな遺伝子型が残った可能性もある⁶。これに対して、Tyson たちが考えている遺伝子水平伝播 (lateral gene transfer) によってさまざまに混ぜ合わされたゲノム型とは、入り組んだ系

統の現在目に触れられる生き残り (直系の子孫)、すなわち自然選択によって大がかりに枝打ちされた系統樹に残る節点にすぎないのかもしれない。

現在のところ、既存のデータでは、これらの諸説に完全に決着をつけることはできない。この生息環境にすむ *Ferroplasma* 集団の内部や集団間の不均一性の程度について、もっとよい定量的データや、この環境内の代表的遺伝子型にさらなる定量的な評価が得られれば、この問題を解明する助けになるかもしれない。

とはいえ、細菌混合集団から得たゲノム科学データを読み解くのは煩雑な作業だが、それも困難というよりはむしろ好機といえよう⁷。つまるところ現実に明らかなのは、ゲノムが動的な生物構造だということである。ゲノムが唯一無二で不変の存在だという概念に立ってしまうと、我々が現在目にする生物多様性が形づくられる過程を捉えることはできない。

Tyson たち² が今回やったように、自然界にあるゲノムの多様性をじかに見据えることで初めて、ゲノムの進化と多様化の速度や様式、機構、またさらに上位の生物学的・生態学的な諸過程とゲノムとの関係性が明らかになるはずである。現在の微生物ゲノムの多様性を一瞬だけ切り取った「スナップ写真」は、この新興分野が発展するにつれて「ビデオ映像」へと進歩する可能性を秘めている。予想されていたように⁸、自然界の微生物世界については今、新たな展望が劇的に開けつつあり、その一部は、現代のゲノム科学技術が新たな可能性をもたらしてくれたおかげである。 ■

筆者の Edward F. DeLong は、モンテレー湾水族館付属研究所 (the Monterey Bay Aquarium Research Institute, 7700 Sandholdt Road, Moss Landing, California 95039-0628, USA) に所属している。
e-mail: delong@mbari.org

1. Pace, N. R. *Science* **276**, 734-740 (1997).
2. Tyson, G. W. *et al. Nature* **428**, 37-43 (2004).
3. Edwards, K. J., Bond, P. L., Gihring, T. M. & Banfield, J. F. *Science* **287**, 1796-1799 (2000).
4. Woese, C. R. *Microbiol. Rev.* **51**, 221-271 (1987).
5. Fleischmann, R. D. *et al. Science* **269**, 496-512 (1995).
6. Palys, T., Nakamura, L. K. & Cohan, F. M. *Int. J. Syst. Bacteriol.* **47**, 1145-1156 (1997).
7. DeLong, E. F. *Curr. Opin. Microbiol.* **5**, 520-524 (2002).
8. Woese, C. R. *Microbiol. Rev.* **58**, 1-9 (1994).