

## P15-1

## 環境プラスミドが保持する多重型安定分配機構の解析

小島 由夏<sup>1</sup>、林 宏恵<sup>1</sup>、○久留主 泰朗<sup>1</sup><sup>1</sup>茨城大・農

プラスミドは細胞内で染色体とは独立して複製し安定的に娘細胞へと分配される。これまでに報告されているプラスミド安定分配システムは二つに大別され、一つは二つのタンパク質をコードする遺伝子と一つのセントロメア領域から構成される *trans-cis* 複合分配システム、もう一つはプラスミド上の非コードDNA領域のみに依存する *cis* 分配システムである。我々は、環境汚染物質分解能に優れた *Sphingobium amiense* および *Sphingobium yanoikuyae* から、それぞれ pAMI-1 および pYAN-1 を分離同定した。プラスミドを持たない *Novosphingobium capsulatum* を宿主としたとき、pAMI-1 では Stb という一つのタンパク質と一つのセントロメア領域のみが安定分配に関与することが示唆された。このタンパク質は pYAN-1 でも高く保存されており、*N. capsulatum* 内では同じ機構が安定分配に関与していることが推察された。また、大腸菌を宿主とした場合、pYAN-1 上に存在する非コードDNA領域が大腸菌プラスミド pSC101 の安定性に関与することが判明した。本研究で見出した pYAN-1 の非コードDNA配列は pSC101 の *par site* とは全く相同性も見られず、また同部位への DNA gyrase の結合も観察されなかった。以上のことから、pYAN-1 は、スフィンゴモナス属細菌及び大腸菌内で機能しうる別個のプラスミド安定分配システムを保持していることが明らかになり、環境プラスミドが異なる宿主内でも維持しうるための多重型安定分配機構の存在が明らかになった。

## P15-2

新規 *Elusimicrobia* 門細胞内共生細菌のドラフトゲノム配列取得と比較解析○伊澤 和輝<sup>1</sup>、桑原 宏和<sup>1</sup>、木原 久美子<sup>1</sup>、雪 真弘<sup>4</sup>、Lo Nathan<sup>3</sup>、伊藤 武彦<sup>1</sup>、大熊 盛也<sup>2,4</sup>、本郷 裕一<sup>1,2</sup><sup>1</sup>東工大・院・生命理工、<sup>2</sup>理研・BRC・JCM、<sup>3</sup>The Univ. of Sydney Sch. of Biol. Sci.、<sup>4</sup>理研・CSRS・BMEP

ゲノムの縮小進化は細胞内共生細菌の最大の特徴の一つである。ゲノム縮小進化過程の詳細を明らかにするには、近縁種でありながら異なるゲノム縮小段階にある細胞内共生体間での比較ゲノム解析が望ましい。

本研究で扱う *Elusimicrobia* 門 (TG1 門) 細菌は難培養性の真正細菌の一群であり、多様な環境に生息しているが、特にシロアリ腸内に豊富に存在する。シロアリ腸内において *Elusimicrobia* 門細菌は、自由生活型も存在するものの、多くの種が腸内原生生物に細胞共生している。

近年、シロアリ腸内原生生物 *Trichonympha agilis* の細胞内に共生する *Elusimicrobia* 門未培養細菌種 Rs-D17 について、ゲノム完全長配列の取得と解析が行われた。その結果、ゲノムは 1.1Mbp 程の大きさしか無く、遺伝子のうち約 15% が偽遺伝子化しており、Rs-D17 のゲノムは縮小進化過程にあることが示唆された (Hongoh et al., 2008, PNAS)。

さらに 16S rRNA を用いた分子系統学的解析によれば、*Elusimicrobia* 門細菌と原生生物の共生は複数回独立に生じたことが示唆されており、異なるゲノム縮小進化段階にある可能性が高い (Ohkuma et al., 2007, FEMS Microbiol. Ecol.)。

本研究では、細胞内共生に伴うゲノム縮小進化過程の詳細に迫るため、*T. agilis* 以外の原生生物に細胞内共生している未培養の *Elusimicrobia* 門細菌のドラフトゲノム配列を取得し、Rs-D17 のゲノムとの比較解析を試みた。