

新規粘液細菌分離株の分類学的特性評価

○北嶋 千枝¹、飯塚 俊²、不藤 亮介²、山中 茂³、平石 明¹

¹豊橋技科大エコロジー工、²味の素(株)ライフサイエンス研、³信州大学繊維

【目的】

粘液細菌はデルタプロテオバクテリア綱の一群であり、様々な抗生物質や生理活性物質を生産することから産業的に有用な微生物として注目されている。しかし、他の有機栄養細菌と比較して、自然界からの分離、培養が難しく、生態学的研究の歴史も浅いというのが現状である。これまで、粘液細菌は一般的に陸生細菌とされてきたが、最近では、海洋・温泉環境からも分離されている。本研究では、新たに土壌環境より分離した粘液細菌分離株の新規性・多様性の有無を確認することを目的として、分類学的特性評価を行った。

【方法】

土壌から新たに分離された粘液細菌 45 菌株を使用した。これらの菌体 DNA 抽出液を調製し、これを鋳型として 16S rDNA の PCR 増幅を行った。PCR 産物を精製後、サイクルシークエンス反応を行い、ファルマシア ALFexpress DNA シークエンサーで解析した。得られた塩基配列を編集し、BLAST Homology Search によりデータベース上の配列データと比較した。既知の類似配列とともに CLUSTAL W を用いて多重アライメントを行い、近隣結合法による系統樹を作成した。作成した系統樹と形態学的特徴を参考に 12 菌株を選択し、特定の tRNA を含む 16S-23S rDNA スペーサー (ITS: internal transcribed spacer) 領域を対象とする塩基配列の PCR 増幅を行い、ITS の多型性を解析した。

【結果及び考察】

16S rDNA の塩基配列に基づく系統樹より、44 の試験菌株が 99%以上の相同性で *Polyangium* ("*Sorangium*") *cellulosum* に近縁であるという結果が得られた。また、細部においては、少なくとも 2つのクラスターが認められた。しかしながら、この系統解析結果と形態学的特徴との間には、明確な関連性を見いだせなかった。ITS 領域の PCR 産物を電気泳動した結果、全ての菌株に対して 600 bp 付近と 300 bp 付近にバンドが見られた。現在、このバンドを切り出し、シークエンス反応による解析と ITS PCR 産物のハイブリダイゼーション法に基づく解析を試みている。

E-mail: kitajima@bio.eco.tut.ac.jp (発表者)