

1B-10 (Japanese)

J. ゲノム

Candidate division OP1 は祖先的 acetyl-CoA pathway を有する好熱性 acetogen

○高見 英人¹、野口 英樹²、高木 善弘¹、内山 郁夫³、西 真郎¹、豊田 敦⁴、池 甲珠¹、荒井 渉¹、伊藤 武彦²、布浦 拓郎¹、服部 正平⁵、高井 研¹

¹海洋機構・生物圏領域、²東工大・生命理工、³基生研、⁴遺伝研、⁵東大・新領域

Key Word : Metagenome,

Candidate division OP1 は、Yellow stone 国立公園の Obsidian Pool サンプルから培養に依存しない 16S rDNA のクローン解析によって提唱された division の一つであるが、祖先系から早期に分岐した好熱菌の一つであると考えられている。一方、祖先系から早期に分岐した系統群に好熱菌が多いことから、原始生命は好熱性の祖先系から誕生したとの説が一般に受け入れられており、初期生命誕生時に重要であった祖先的生化学反応は CO₂ を固定する acetyl-CoA pathway を経由した酢酸生成とメタン生成であるとの考えも提唱されている。しかしながら、祖先系から早期に分岐した好熱性の系統群には acetyl-CoA pathway を有するバクテリアが見つかっていないため、OP1 がどのような代謝 pathway を有しているか大変興味深い。そこで本研究では、九州地下鉱山の 70° C の熱水流路に沿って形成された OP1 が優先種の一つであるバイオマットのメタゲノムライブラリーを用い、そこに見いだされた遺伝子の codon usage をもとに OP1 ゲノムを回収し、代謝系の再構築を試みた。

その結果、OP1 ゲノム由来の 4 コンティグが形成され、コンティグ中に見いだされた遺伝子情報から代謝系の再構築を行ったところ、OP1 は acetyl-CoA pathway を経由して酢酸生成が可能な acetogen であることがわかった。また、本 pathway 構成に重要な *acs* 遺伝子クラスターがコードする産物を連結して系統樹を作成したところ、OP1 は、祖先系から早期に分岐した *acs* 遺伝子クラスターを有するバクテリアであることが示唆された。

e-mail : takamih@jamstec.go.jp

1B-11 (English)

J. ゲノム

Diversity and role of Integron/gene cassette metagenome in extreme marine environments

OHOSAM ELSAIED、AYA AKIBA、KEIKO KITAMURA、AKIHIKO MARUYAMA

National Institute of Advanced Industrial Science and Technology

Key Word : integron gene cassette, metagenome

Integron is a diverse DNA element, characterizing the genome of bacteria. Integron has the ability to capture and express adaptive genes located in special structures called as gene cassettes, a unique feature that never performed by any other DNA elements. Recently, integrons got attention as genomic elements that play a key role in the evolution of marine bacterial adaptive genome. In this study, we described the diversity and role of integrons and associated gene cassettes in microbial communities from three different extreme marine environments, which expected to induce the diversity and function of integrons. The studied environments were deep-sea hydrothermal vents, deep submarine gas hydrate bearing sediments and urban industrial polluted marine sediments. Each environment was characterized by an endemic composition of integrons, represented by the unique phylogenetic lineages of the integrase gene, *intI*. Phylotypes related to class I integrons, the most common class in the terrestrial environments, have been discovered in deep-sea environments. We recorded more than 130 phylotypes of *intI* gene from the above habitats. Also, we discovered 30 unique families of the integron/gene cassette attachment sites. Pools of gene cassettes, associated with the recovered integrons, have been explored and encoded adaptive proteins specific to the surrounding environmental characteristics. For example, a model of life adaptation for a deep-sea hydrothermal vent symbiont has been created based on recorded adaptive gene cassettes. Also, gene cassettes that encoded several xenobiotic-degrading proteins have been discovered in urban polluted marine sediments. Several gene cassettes related with the metabolism of anaerobic methane oxidation in deep submarine gas hydrate regions have been detected. Thus, each environmental characteristic could shape integrons and associated gene cassettes. Our future work will focus on improving methodologies for capturing and characterization of integron-associated gene cassettes from environmental metagenomes.

e-mail : hosameasa@yahoo.com