

P-192

シロアリ腸内原生生物の細胞表面に共生する *Treponema* 属細菌 3 種の シングルセルゲノム解析

○雪 真弘¹, 桑原 宏和², 本郷 裕一^{2,3}, 大熊 盛也^{1,3}

¹理研 CSRS, ²東工大・院生命理工, ³理研 BRC・JCM

E-mail: masahiro.yuki@riken.jp

シロアリの腸内には、数種から十数種の原生生物と数百種以上の細菌が共生している。さらに、これらの原生生物の細胞内、細胞表面にも数種の細菌が共生しており、複雑な微生物叢となっている。共生原生生物の 1 種である *Pyrsonympha* sp. の細胞表面には、3 種の *Treponema* 属細菌 (Cluster I, Cluster IIA, Cluster IIB) が共生していることが報告されている。しかし、それぞれの細菌の機能に関しては分かっておらず、なぜ宿主表面上に同属細菌 3 種が共生しているのかは不明であった。本研究では、各細菌の役割を明らかにするため、シングルセルゲノム解析技術を駆使し、3 種の *Treponema* 属細菌のゲノム配列の決定を試みた。マイクロマニピュレーションで宿主である *Pyrsonympha* sp. を 20 細胞集め、破碎することにより、*Treponema* 属細菌を含んだ溶液を調製した。この溶液から、セルソーターを用いて細菌細胞をシングルセルに分離後、Phi29 DNA polymerase により全ゲノム増幅を行い、複数の 3 種の *Treponema* 属細菌の全ゲノム増幅産物を取得した。この全ゲノム増幅産物を用いて MiSeq 及び PacBio により、ゲノム配列データの取得を行った。これまでに、ゲノム完全性が、Cluster I のもので 69%、Cluster IIA で 75%、Cluster IIB で 40% のドラフトゲノム配列が得られた。現在、これらのドラフトゲノム配列を用いてアノテーションを行っている。本大会では、シロアリ共生系での重要な機能である窒素固定、還元的酢酸生成やリグノセルロース分解等について、各細菌の役割分担を議論する。