

P9

原生生物の細胞表面に共生する *Treponema*属細菌のシングルセルゲノム解析

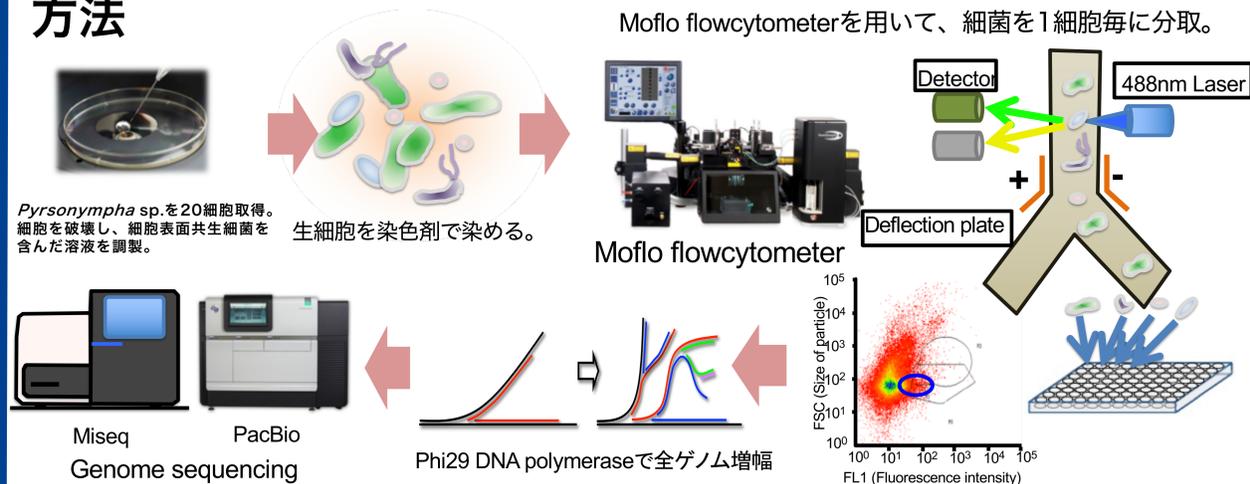
雪真弘、大熊盛也

理化学研究所環境資源科学研究センター
(現: 理研・バイオリソース研究センター)

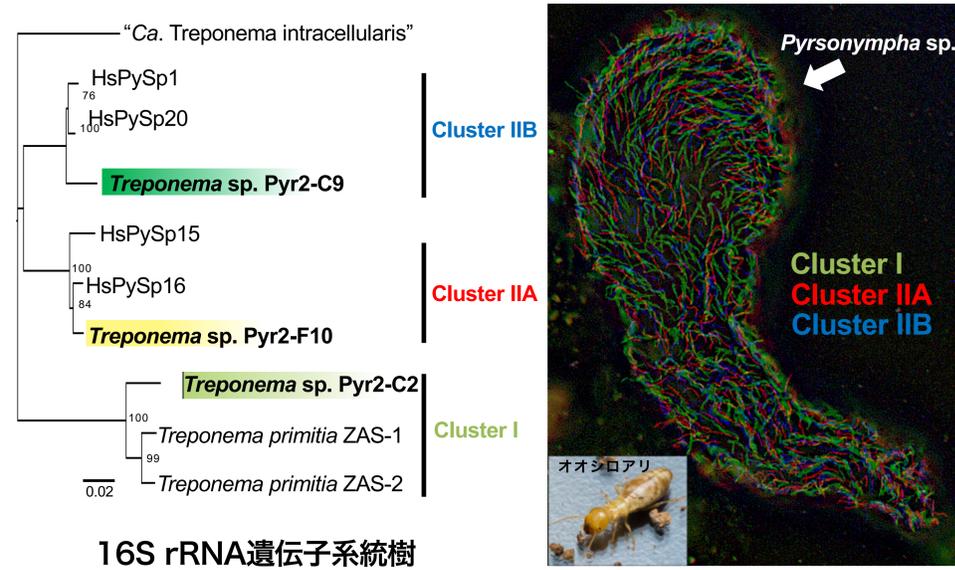
要旨

シロアリ腸内共生原生生物の細胞内、細胞表面にも数種の細菌が共生しており、複雑な微生物叢が形成されている。共生原生生物の1種である *Pyrronympa* sp.の細胞表面には、3種の *Treponema*属細菌(Cluster I, Cluster IIA, Cluster IIB)が共生しているが、共生系における各細菌の役割は不明であった。本研究では、シングルセルゲノム解析により、3種の *Treponema*属細菌のドラフトゲノム配列を決定した。

方法



*Treponema*属細菌の系統関係



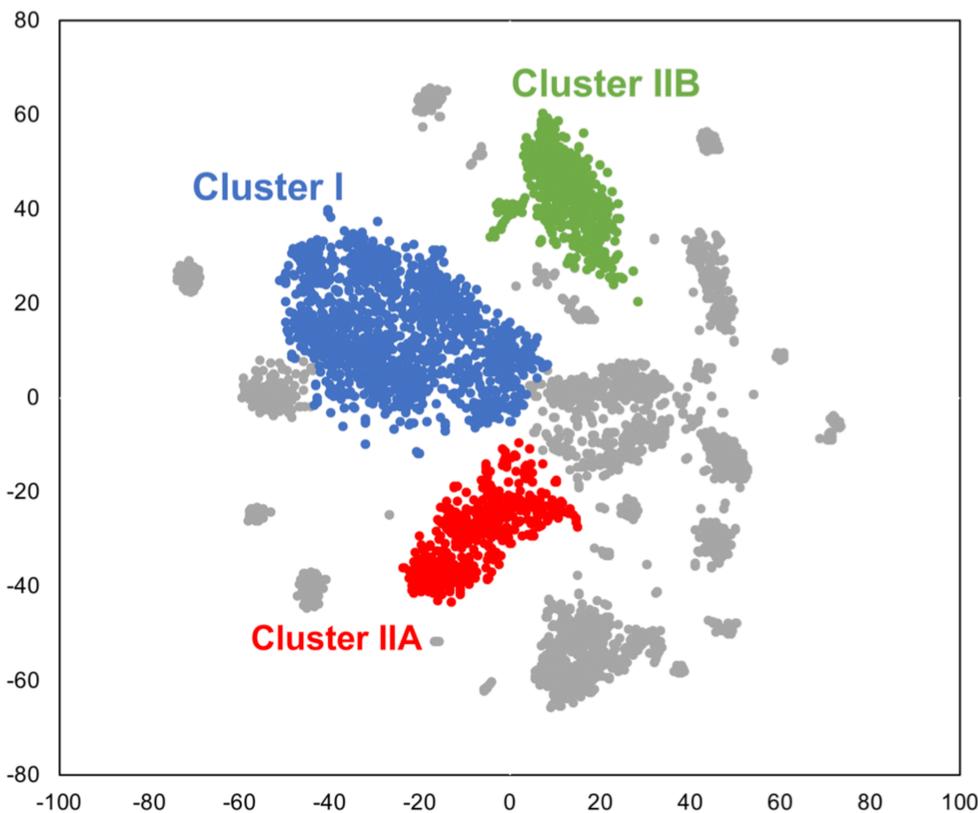
共生細菌と自由生活型細菌のゲノム比較

	細胞表面共生細菌			細胞内共生細菌	自由生活型細菌
	Cluster I Pyr2-C2	Cluster IIA Pyr2-F10	Cluster IIB Pyr2-C9	“Ca. <i>Treponema intracellularis</i> ” E12	<i>Treponema primitia</i> ZAS-2
宿主	<i>Pyrronympa</i> sp.	<i>Pyrronympa</i> sp.	<i>Pyrronympa</i> sp.	<i>Eucomonympa</i> sp.	-
Total length	3.84 Mb	2.63 Mb	1.32 Mb	2.26 Mb	4.06 Mb
Number of contigs	556	312	396	453	1
Largest contig	251,627 bp	217,147 bp	83,159 bp	98,838 bp	-
GC content	53.0%	49.7%	54.5%	55.6%	50.8%

Cluster I, IIAは高いゲノム完全性の配列取得に成功

原生生物1細胞のミニメタゲノム解析

1細胞の *Pyrronympa* をマイクロマニピュレーターで取得し、共生細菌全ゲノム増幅後、ミニメタゲノム解析した。得られたContigとシングルセルゲノム解析で得られた配列を合わせて、MyCCを用いてビンニングし、由来決定を行った。



ゲノム完全性が高いCluster IIB配列の取得に成功

3種 *Treponema*属細菌の役割分担

	細胞表面共生細菌		
	Cluster I Pyr2-C2	Cluster IIA Pyr2-F10	Cluster IIB
リグノセルロース分解	△	◎	△
窒素固定	X	X	X
還元的酢酸生成	○	X	X
酪酸生成	X	X	○

細胞表面上でそれぞれ異なった役割を担っている

まとめ

