

## 研究 成 果 報 告 書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		環境レア微生物の進化系統と生態学的特性の解明			
研究テーマ (欧文) AZ		A study on evolutionary and ecological relationships of rare microorganisms			
研究氏 代 表 名 者	カタカナ CC	姓) ナカイ	名) リョウスケ	研究期間 B	2013 ~ 2014 年
	漢字 CB	中井	亮佑	報告年度 YR	2015 年
	ローマ字 CZ	NAKAI	RYOSUKE	研究機関名	国立遺伝学研究所
研究代表者 CD 所属機関・職名		国立遺伝学研究所・日本学術振興会特別研究員 SPD			
<p>概要 EA (600 字～800 字程度にまとめてください。)</p> <p>近年、孔径 0.2 マイクロメートルの濾過除菌フィルターを通過するレア(稀少)微生物の存在が確実視されようになってきたが、その生物学的知見は乏しい。本研究では、様々な環境試料のフィルター濾液を用いて、環境レア微生物の分離と機能解析を行い、その生態学的特性の解明を目指した。結果として、培養菌株の中から、様々な環境に幅広く分布するレア微生物系統として、<i>Proteobacteria</i> 門の <i>Oligoflexia</i> 綱に帰属する <i>Oligoflexus tunisiensis</i> を代表菌株として選抜した。そのゲノム概要配列を解読した結果、ゲノムサイズは約 7.6 Mbp(22 のコンティグに集約)と比較的大きく、そのうち遺伝子をコードする CDS は 6,484 個、rRNA オペロンは 6 コピー、tRNA は 46 個存在した。ゲノム中には、アンモニア同化や脱窒に関わる、アンモニウム輸送体や亜硝酸還元酵素等に高い相同性を示す、機能遺伝子群が多数コードされており、本系統群の窒素循環への関与が示唆された。現在、ゲノムデータの公開に向けた諸準備を進めているところである。また、系統分類に汎用される遺伝子領域を用いて、既知の環境メタゲノム情報に対する網羅的検索を行い、<i>Oligoflexia</i> 綱に属するレア微生物の分布傾向を調べた。その結果、予想通り、環境中における遺伝子の検出頻度は極めて少ないものの、根圏、地下水および油田の環境において特徴的に検出されたことから、一定の分布特性を示すことが明らかとなった(Journal of Phylogenetics &amp; Evolutionary Biology において論文発表)。</p>					
キーワード FA		微生物	生態	ゲノム	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>	<i>Oligoflexia</i> , the newest class of the phylum <i>Proteobacteria</i> , consisting of only one cultured species and uncultured bacterial phylotypes from diverse habitats.							
	著者名 <sup>GA</sup>	Ryosuke Nakai, Takeshi Naganuma	雑誌名 <sup>GC</sup>	Journal of Phylogenetics & Evolutionary Biology					
	ページ <sup>GF</sup>	オンライン雑誌のため、 ページ番号なし	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	1	5	巻号 <sup>GD</sup>	3
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

#### 欧文概要<sup>EZ</sup>

Rare microorganisms that are filterable through a 0.2-μm-pore size filter, which is conventionally used for sterilization, have recently been found in various environments. However, knowledge regarding their biological and ecological significance is limited. The main purpose of this study was to reveal the phylogenies and ecological characteristics of these rare microorganisms through a polyphasic analysis. Following this analysis, *Oligoflexus tunisiensis* belonging to the class *Oligoflexia* (phylum *Proteobacteria*) was selected as the representative rare species. The genome analysis of this species revealed that the genome size was approximately 7.6 Mbp (estimated from 22 contigs), and the number of coding DNA sequences, rRNA operons, and tRNA were 6,484, 6, and 46, respectively. The functional genes encoding ammonium transporter and nitrite reductase, related to the processes of ammonium assimilation and denitrification, respectively, were detected in the genome, suggesting that this rare lineage participates in nitrogen cycling. Publication of the genomic features of this microorganism is currently underway. In addition, the phylogenetic marker gene of *O. tunisiensis* was searched against the environment-derived metagenomic data. The database analysis suggested that the *Oligoflexia* group is rarely present in a range of environments, but has a characteristic distribution pattern in groundwater, the rhizosphere, and hydrocarbon-rich environments (Nakai & Naganuma, Journal of Phylogenetics & Evolutionary Biology, 2015).