

Bifidobacterium adolescentis ATCC15703 の完全長ゲノム構造

The genome structure of *Bifidobacterium adolescentis* ATCC15703

○鈴木徹¹、加納規生³、津田佳寛³、永野さおり¹、井上貴道¹、田中香お里²、渡邊邦友²

¹岐阜大学・生命科学総合研究支援センター・ゲノム研究分野

²同・嫌気性菌実験分野、³岐阜大学・応用生物科学研究科

【目的】ビフィズス菌は腸内細菌叢を形成する腸内細菌の一種であり、1899年に Tissier によって健康な母乳栄養時の糞便から嫌気性、グラム陽性、多形成桿菌として初めて分離された。ビフィズス菌は、下痢防止、便秘改善といった整腸作用、免疫活性化作用、皮膚アレルギー低減など多くの健康にプラスの作用を持つことが知られており、いわゆる善玉菌の代表格である。現在までに行なわれているビフィズス菌のゲノムプロジェクトはすべて *infantis* サブグループに関するものであり、ビフィズス菌の全体像をゲノムレベルで把握する上でその他のサブグループのゲノム解析が大変重要であると考えられる。*B.adolescentis* は、*catenulatum* サブグループに属し、1963年に Reuter によって、成人の糞便から分離された。初期の報告から、*B.longum* とともにヒト糞便中に優勢であるということが記載されている。また、プローブや定量 PCR 法を用いたヒト腸内フローラの解析において、*B.adolescentis* は、*B.longum* や *B.catenulatum* と並び、優勢種であることが示されている。ヒトの腸内フローラを理解する上でこれらの菌のゲノム情報は大変重要であると言える。我々は、これらの背景から *B.adolescentis* に注目し、基準株である ATCC15703 株のゲノム解析を行った。今回は、ほぼ完全長のゲノム配列が得られたので報告する。

【実験方法】シーケンシングは、2kbp に切断した DNA をインサートに持つライブラリーを作製し、ホールゲノムショットガン法で行なった。得られたデータのアセンブリには Phred/Phrap、編集には

Consed を用いた。

結果得られたコンティグの連結とコンティグ間の空白域の塩基配列を決定するために、新たに 35kbp に切断した DNA をインサートに持つ Fosmid ライブラリーを作製した。また、GC 含量が高く高次構造をとるような難解読領域については、転写シーケンス(CUGA)を使用してコンティグを連結した。アノテーション作業には三井情報開発の GenomeGambler、比較ゲノム解析にはザナジェン社の XanaGenome を用いた。

【結果と考察】 *B.adolescentis* のゲノム解析結果のまとめを示す。ゲノムサイズは 2.3Mbp で、推定 ORF 数は 2,094、53 個の tRNA、6 個の rRNA オペロンが存在した。推定された ORF の相同性解析からの機能予想の結果、Metabolism に関する ORF 数が 49%、Information storage and processing に関する ORF が 21%、Cellular processes に関する ORF が 14%それぞれ存在した。*B.longum* NCC2705 株のゲノム配列と比較すると *B.longum* には存在するが、*B.adolescentis* には存在しない配列や *B.longum* には全くないが、*B.adolescentis* には存在する配列も見つかった。現段階で、*B.adolescentis* ATCC15703 にしか存在しなかった遺伝子候補は、Information storage and processing に関する ORF が 19 個、Cellular processes に関する ORF が 17 個、Metabolism に関する ORF が 42 個そして Poorly characterized に関する ORF が 17 個あった。両菌株で大きな違いは見られなかったが、*B.longum* 同様さまざまな糖が利用できることを確認した。