

P15-03 : 異化的ヒ酸還元菌 *Anaeromyxobacter* sp. PSR-1株のドラフトゲノム解析

殿村 美森¹, 江原 彩香², 鈴木 治夫³, 天知 誠吾²

¹千葉大・園芸, ²千葉大・院・園芸, ³山口大・院・理工学

Anaeromyxobacter sp. PSR-1株はヒ素汚染土壌より単離された異化的ヒ酸還元細菌で、*A. dehalogenans* 2CP-1株と16S

rRNA遺伝子の塩基配列が99.7%一致する。*Anaeromyxobacter*

属細菌は鉄、硝酸、塩素化合物、ウランなど多様な物質を電子受容体として利用可能なことから、バイオレメディエーションへの応用が期待されているが、ヒ酸還元能の存在はPSR-1株以外には知られていない。本研究はPSR-1株のヒ酸還元メカニズムの解明を目的としてドラフトゲノム解析を行った。シーケンスの取得には454FLX

Titanium (Roche) を用いた。ゲノムアセンブリプログラムNewbler v.

2.8により344個のコンティグ配列を得た(総塩基数4,863,754 bp、GC含量74.4%)。また、遺伝子予測プログラムProkkaにより4,484個のタンパク質コード領域を予測した。ヒ素代謝遺伝子を探索

した結果、PSR-1株

のドラフトゲノム配列中に異化的ヒ酸

還元酵素遺伝子(arrAB)は認められなかった。一方、*Alkalilimnicola ehrlichii*

MLHE-1株の嫌氣的亜ヒ酸酸化酵素遺伝子(arr

)オペロンに類似した遺伝子構造が確認され

た(arrRCBABSX-ORF-arrBA

)。このオペロンに隣接し

て解毒的ヒ酸還元酵素遺伝子オペロン(arrDC-uspA-arrBRM)も確認された。arrABはin vitro

においてヒ酸還元活性も示すことから、

PSR-1株においてarr様遺伝子がヒ酸還元へ関与する可能性が示唆された。

keywords:arsenate reduction,*Anaeromyxobacter*,draft genome analysis,,