

26PA-pm091S

クルマエビの腸管から単離された乳酸菌のゲノム解析

○坂本 大輔¹, 平松 征洋², 佐藤 朝光¹, 入江 圭一¹, 中島 幸彦¹, 前田 稔³, 見明 史雄¹, 鹿志毛 信広¹ (¹福岡大薬, ²阪大微研, ³九州メディカル)

【目的】乳酸菌は、発酵食品だけでなく、ヒトや動物の腸管内や自然環境に広く分布している。そして、これまでに様々な乳酸菌が単離されている。*Lactobacillus plantarum* D2905 株は、クルマエビの腸内から単離された乳酸菌であり、低温増殖能、抗菌活性などの特異的な性状を示す。今回、*L. plantarum* D2905 株のゲノム解析を行ったので報告する。

【方法】*L. plantarum* D2905 株のゲノム DNA 配列を PacBio RS II を用いて解析した。そして、HGAP3 によるアセンブルを行いゲノム DNA 配列を決定した。続いて、MiGAP (<http://migap.ddj.nig.ac.jp/mgap/jsp/index.jsp>) を用いて *L. plantarum* D2905 株のゲノム DNA 配列に対するアノテーションを行った。また、同様の方法にて、既知の *L. plantarum* のゲノム DNA 配列に対するアノテーションを行い、ゲノム配列の特徴を比較した。

【結果・考察】*L. plantarum* D2905 株のゲノム DNA から 169,279 個リード配列が得られた。アセンブルの結果、5 個のコンティグ配列が得られた。このうち 1 つのコンティグ配列は 3,172,059 bp の環状の配列であり、*L. plantarum* D2905 株のゲノム DNA 配列であることが推察された。この配列に対するアノテーションは、CDS、rRNA、tRNA がそれぞれ 3018 個、16 個、75 個存在した。既知の *L. plantarum* のゲノム DNA 配列に対するアノテーションと比較した結果、*L. plantarum* D2905 株を含む *L. plantarum* のゲノムの構造は類似している可能性が示された。