

## B-48. 超音波破碎・希釈法による DNA抽出のバイアスの評価

○高梨 正訓\*・押木 守・小貫 元治・佐藤 弘泰・味塙 俊

東京大学大学院新領域創成科学研究科社会文化環境学系(〒277-8563 千葉県柏市柏の葉5-1-5)

\*E-mail: takanashi@mw.k.u-tokyo.ac.jp

### 1. 研究背景

活性汚泥中に存在する微生物を調べる目的で分子生物学的手法が利用される場面が増えている。多くの場合PCR反応を行うための錠型DNAの調製が分子生物学実験の最初のステップであるが、この作業は意外に面倒である。

近年、佐藤ら<sup>1)</sup>はPCRの錠型となるDNAを調製する手法として超音波破碎・希釈法を提案した。この手法は、活性汚泥混合液を超音波破碎および希釈するだけで、PCR反応用の錠型DNAとするものである。この手法は先にあげた問題を軽減する手法として期待できるが、その適用範囲については検討の余地がある。

本研究はを様々な種類の細菌からの超音波破碎法でのDNA抽出効率を評価するとともに、数種の細菌の混合懸濁液を試料として用いて、超音波破碎・希釈法と市販のDNA抽出キットとの比較を行った。

### 2. 実験方法

#### (1) 超音波破碎処理によるDNA回収率の評価

8種類の細菌(*Delftia acidovorans* (NBRC14950), *Corynebacterium glutamicum* (NBRC12168), *Ochrobactrum anthropi* (NBRC15819), *Brevibacillus brevis* (NBRC100599), *Escherichia coli* (JCM1649), *Ralstonia eutropha* (JCM20644), *Bacillus subtilis* (JCM1465), *Staphylococcus epidermidis* (NBRC12993))を推奨条件で培養した。

これら細菌の系統学的分類については表1に示した。培養液1mlを15mlのプラスチックチューブへ分注し、ミリQ水で10mlへメスアップした後、超音波破碎処理を行った。Advanced Digital Sonifier 250DA(Branson, Danbury, USA)を用い、マイクロホーンチップを用い25Wで120秒間超音波処理した。超音波破碎中10秒間隔で試料を採取した。採取した試料は酢酸セルロース製メンブレンフィルター(0.2μm径, Advantec)で濾過し、濾液中のDNA濃度を測定した。DNA濃度の測定にはQuant-iT PicoGreen dsDNA Assay Kit(Invitrogen, USA)を用いた。

表1 各細菌のDNA回収率

菌種	門	回収率[%]
<i>O. anthropi</i>	$\alpha$ -proteobacteria	59
<i>D. acidovorans</i>	$\beta$ -proteobacteria	93
<i>R. eutropha</i>	同上	99
<i>E. coli</i>	$\gamma$ -proteobacteria	76
<i>C. glutamicum</i>	Actinobacteria	<10
<i>B. brevis</i>	Firmicutes	96
<i>B. subtilis</i>	同上	70
<i>S. epidermidis</i>	同上	<10

#### (2) 細菌混合懸濁液を用いたDNA抽出法の評価

*D. acidovorans*, *B. brevis*, *C. glutamicum*, *O. anthropi*を16S rRNA遺伝子のコピー数が1:1:1:1となるように混合し、超音波破碎・希釈法またはFastDNA SPIN Kit for Soil(MP Biomedicals, France)法を用いてDNAを抽出した。超音波破碎処理は前述と同様の条件で行い、試料は5ml、処理時間は60秒とした。超音波処理後の試料をミリQ水

で希釈したものを PCR へ供した。FastDNA SPIN Kit for Soil による DNA 抽出は製品添付のマニュアルに従って行った。

PCR は佐藤<sup>1)</sup>に従って行い、プライマーセットとして 357f-1100r(5'末端 FAM 標識)<sup>2)</sup>を用いた。PCR 産物を PCR Purification Kit(QIAGEN)で精製し、制限酵素処理(HpyCH4IV, BioLads) (37°C, 3 時間, 10U) し、サイズマーカー (GeneScan™500 ROX Size Standard, Applied Biosystems)を添加し、ABI PRISM®310 Genetic analyzer (Applied Biosystems)を用いて T-RFLP 分析を行った。

### 3. 結果および考察

#### (1) 超音波破碎処理による DNA 回収率の評価

8 種類の細菌に超音波破碎処理を行い、試料中の DNA 濃度を測定した。図 1 に、*D.acidovorans* に超音波破碎処理を行った際の DNA 濃度の変動を示した。超音波処理を続けるに従って、DNA 濃度が増加し、約 80 秒で一定となった。同様の挙動が他の細菌においても得られた。

図 1 から、単位時間当たりの DNA 濃度の増加量を計算し、図 2 のように図示した。DNA 濃度の増加量は時間の経過とともに小さくなり、約 80 秒で DNA 濃度の増加はゼロとなった。本研究では、この時点で全 DNA が抽出されたと見なした。

そして、60 秒の超音波破碎処理によって回収できた DNA 量(台形  $T_0T_{60}BA$ )が全 DNA 量(三角  $T_0TA$ )に占める割合を DNA 回収率と定義し、算出を行った。

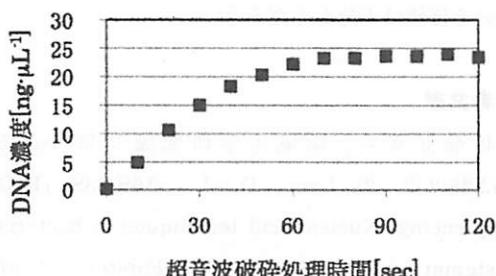


図 1 超音波破碎処理における DNA 濃度  
試料: *D. acidovorans*

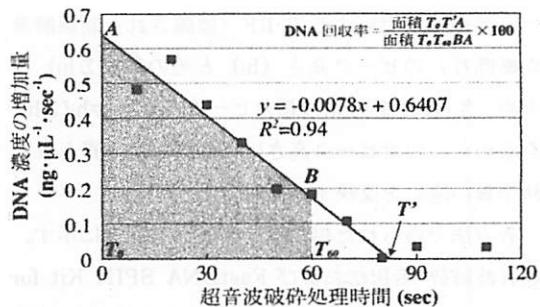


図 2 超音波破碎処理における DNA 濃度增加量  
試料: *D. acidovorans*

DNA 回収率を表 1 に示した。概ね全ての細菌から 6 割以上の DNA 回収率が得られたが、*C. glutamicum*, *S.epidermidis* の回収率は 1 割以下だった。

様々な種類の細菌から超音波破碎処理で DNA を抽出できることを確かめるため、8 種類の細菌を用いた検討を行った。一般的に *Actinobacteria* や *Firmicutes* といったグラム陽性細菌は細胞壁が強固であり、物理的処理によって DNA を抽出することが困難とされている。しかし、表 1 を見るとグラム陰性細菌だけでなく、グラム陽性細菌である *O. anthropi*, *B. brevis* からも 6 割、9 割程度 DNA を抽出することができた。

一方、グラム陽性細菌である *C. glutamicum*, *S.epidermidis* については回収率が顕著に低かった。これは超音波破碎処理で DNA を抽出することが困難な細菌が存在することを示している。このような細菌が活性汚泥中にどの程度存在するか明らかではないが、都市下水処理場の活性汚泥内におけるグラム陽性細菌の存在割合は 5% 以下であったことが報告されている<sup>3)</sup>。超音波破碎処理によって DNA を抽出することが困難な *C. glutamicum*, *S.epidermidis* などのグラム陽性細菌は活性汚泥中でそれほど多く存在していないのかもしれない。

#### (2) 細菌混合懸濁液を用いた DNA 抽出法の評価

4 種類の細菌を混合した試料から、超音波破碎・希釈法または FastDNA SPIN Kit for Soil 法によって DNA を抽出し、PCR および T-RFLP 解析を行っ

た。各細菌に対応する T-RF (標識された制限酵素切断断片) のピーク高さ ( $h_i$ ) とその和 ( $\sum h_i$ ) を求め、さらに、各細菌の相対ピーク高さ ( $r_i = h_i / \sum h_i$ ) を求めた。相対ピーク高さは、各細菌から得られた鉄型量の違いを反映するはずである。

各方法で得られた相対ピーク高さを図3に示す。超音波破碎・希釈法および FastDNA SPIN Kit for Soil で、4種の細菌全てを検出することができた(断片長は、*C. glutamicum* 87b, *O. anthropi* 525b, *D. acidovorans* 566b, *B. brevis* 425b)。なおいずれの方法でも、*C. glutamicum* と *O. anthropi* の相対ピーク高さは 10%前後、*D. acidovorans* と *B. brevis* の相対ピーク高さが 30%~50%であった。

なお、これら細菌は 16S rRNA 遺伝子のコピー数が 1:1:1:1 となるように混合したのであるが、いずれの DNA 抽出法でも相対ピーク高さの比は 1:1:1:1 からは離れてしまった。その原因は三つ考えられる。即ち(a)ピーク高さの比が必ずしも鉄型量を反映しないこと(電気泳動の特性として小さな断片ほどシャープで高いピークとなる)、(b)それぞれの細菌の持つ 16SrRNA 遺伝子のコピー数が、実際とデータベース上で見つかるものでは異なっていた可能性、そして、(c)各 DNA 抽出法の抽出特性の違いである。

*C. glutamicum* および *O. anthropi* の相対ピーク高さが他の二種よりも小さくなかった原因について考える。*C. glutamicum* については断片長が他より短い。また、*O. anthropi* の断片長は、*D. acidovorans* よりやや短く *B. brevis* よりもやや長いが、ほぼ同程度の断片長である。(a)を考慮すると、*C. glutamicum* の相対ピーク高さは他よりも大きく、また、*O. anthropi* の相対ピーク高さは残り二種と同程度になると予想できる。しかし、*C. glutamicum* と *O. anthropi* の相対ピーク高さは他の二種よりも小さくなかった。表1に示した超音波破碎処理での DNA 回収率試験の結果では、他の二種では回収率 90%以上であるのに対して、*O. anthropi* は 59%、*C. glutamicum* は 10%未満であった。このことから、超音波破碎・希釈法については、DNA の抽出効率が低いことが、これらの二種の相対ピーク高さが他

の二種よりも小さくなることにつながったと考えられる。また、FastDNA SPIN Kit for Soil 法でも超音波破碎・希釈法とほぼ同様の結果であったことから、いずれの方法も *C. glutamicum* および *O. anthropi* の DNA 抽出の効率はほぼ同程度、あるいは、*O. anthropi* については超音波破碎・希釈法の方がむしろよいのではないかと考えられる。

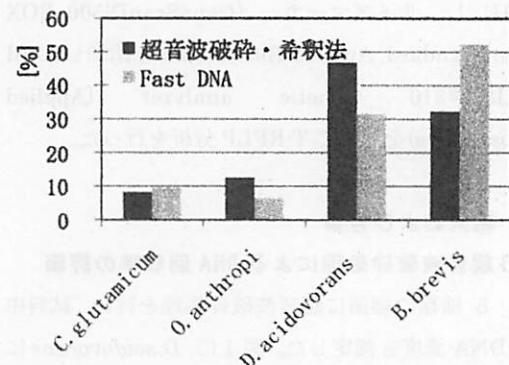


図3 各 DNA 抽出法での相対ピーク高さの比較

#### 4. まとめ

超音波破碎・希釈法では一部の細菌種については DNA の抽出効率が低くなるものの、FastDNA SPIN Kit for Soil 法と比べて明らかに劣る点は今回の検討では見つかなかった。超音波破碎・希釈法では PCR の鉄型 DNA を数分で調製でき、従来 PCR の鉄型を調製するために費やされていた時間および労力を大きく削減することができる。超音波破碎・希釈法を従来の DNA 抽出法の代わりに用いる価値は十分あるだろう。

#### 参考文献

- 1) 佐藤弘泰ら, 環境工学研究論文集 vol.45: pp.225-232.
- 2) Lane, D. J., 16S/23S rRNA Sequencing, Nucleic acid techniques in bacterial systematics, pp.115-175.
- 3) S. Forster. et al., Appl. Environ. Microbiol., vol.68(10): pp.4772-4779