

- 621 *Pseudomonas aeruginosa*の情報処理に關与する遺伝子の解析 II
(広大・工・醗酵工学) ○加藤純一、梅崎竜市、中村哲也、黒田章夫、大竹久夫

【目的】我々は、*P. aeruginosa*の情報処理機構の分子レベルでのメカニズムを解明するために、情報処理機構にかかわる遺伝子を多数取得して解析を進めている。本発表では、解析を通じて得られた情報処理に關与する新奇遺伝子について報告する。

【方法・結果】これまで取得された*P. aeruginosa*の走化性欠損株は、走化性を失うだけでなく、泳ぐ方向を転換する頻度も異常になっていた。しかし、NTG処理で得られた走化性変異株PC3は、親株と同じ頻度で方向転換した。PC3の変異は、*cheY*、*cheZ*、*cheA*では相補されなかった。*cheB*は部分的にPC3を相補するが、*cheB*のさらに下流の領域をも含めると完全に相補された。そこで、*cheB*下流のDNA塩基配列を決定したところ、741bpからなるORFがみいだされた。このORFの予想遺伝子産物についてホモロジー検索を行ったところ、高い相同性を示す配列は見いだされず、この遺伝子が新奇なものであると考え、便宜的に*cheJ*と命名した。*cheJ*は、比較的高いタンパク質をコードしており、細胞膜貫通領域と思われる部分が数カ所見いだされた。現在、*che*破壊株を作成して*cheJ*の機能について解析をおこなっているところである。

Genetic analysis of chemotactic information processing in *Pseudomonas aeruginosa* II

○Junichi Kato, Ryu-ichi Umesaki, Tetsuya Nakamura, Akio Kuroda, Hisao Ohtake

(Dept. Ferment. Technol., Hiroshima University)

【Key Words】 Signal transduction, Chemotaxis, *Pseudomonas aeruginosa*

- 622 超好熱始原菌 *Pyrococcus* sp. KOD1 の 16S rRNA 近傍に存在する遺伝子
Naeem Rashid, ○森川正章*, 藤原伸介, 今中忠行
(阪大・工・応生, *物生)

鹿児島県小宝島より分離した超好熱菌 KOD1 株の系統学的な分類を目的として 16S rDNA の全塩基配列を決定した。その結果、*Pyrococcus*属 と *Thermococcus*属との間で 96% の相同性が判明し *Thermococcaceae*科の場合、属の決定に 16S rRNA 塩基配列の比較はあまり有効ではないと判断された。今回、その上流領域についてゲノムシーケンスを調べたところ rRNA 遺伝子発現制御領域部分に続き ribose phosphate pyrophosphokinase (RPPK) 遺伝子などが確認できた。RPPK はプリン/ピリミジン合成や一部のアミノ酸合成に重要な酵素である。さらに上流には ATP synthase や ubiquitin precursor と部分的に相同性のあるオープンリーディングフレーム (ORF) も存在することから、16S rRNA 遺伝子近傍は細胞機能を維持するために必須の遺伝子群が集中している領域の一つであると思われる。また上記 ORF のアミノ酸配列はいずれも原核型よりも真核型に近かった。現在、さらに上流領域遺伝子を調べると共に各 ORF を大腸菌内で発現させた後、予想される酵素活性の評価を計画している。

Genome analysis of 16S rRNA flanking region of *Pyrococcus* sp. KOD1.

Naeem Rashid, ○Masaaki Morikawa*, Shinsuke Fujiwara, and Tadayuki Imanaka
(Dept. Biotechnol., *Dept. Material & Life Science, Osaka Univ.)

【Key words】 gene, *Pyrococcus*, 16S rRNA, ribose phosphate pyrophosphokinase
ATP synthase, ubiquitin precursor