

203

ラン藻ゲノム

名大・遺伝子 ○杉田 護、杉浦昌弘

【目的】ラン藻は食用のスイゼンジノリや湖沼の富栄養化にともない発生する水の華(アオコ)に代表されるように古くから藍藻類(blue green algae)として分類されていた。現在知られているラン藻は150属1700種をこえ、単細胞や多細胞糸状のものや枝分かれした形態をもつものが存在する。生態分布は広く、淡水にも海水にも生息し、同一種のもものが熱帯、温帯さらには極地にも生息する例が知られている。また80℃以上の高温の温泉中に生息する種もある。ラン藻細胞は、核、プラスチド、ミトコンドリア、液胞などの細胞器官をもたないが、細胞内には多数のチラコイド膜が発達し植物と同じ酸素発生型の光合成を行っている。また細胞表層部の外膜の内側には堅固なペプチドグリカン層をもつことからグラム陰性細菌に分類され、藍色細菌またはシアノバクテリア(cyanobacteria)と一般に呼ばれている。植物細胞に存在する葉緑体は、ラン藻と共通の起源をもつと考えられていることから、我々は葉緑体ゲノムの進化という観点から単細胞性ラン藻*Synechococcus* 6301株のrRNA遺伝子(rDNA)、リボソーム蛋白質遺伝子、イントロンを持つtRNA遺伝子、光合成遺伝子を解析し、これらの遺伝子が葉緑体とラン藻の間で最もよく保存されていることを明らかにしてきた。ラン藻ゲノムの多様性やゲノムの進化をより深く理解することを目的として、単細胞性ラン藻*Synechococcus* 6301株ゲノムの物理地図の作製と遺伝子のマッピングを行った。

【方法及び結果】ラン藻*Synechococcus* 6301株の細胞を低融点アガロースゲル中で溶解し、ついで8塩基認識の制限酵素*PmeI* (GTTT/AAAC)と*SwaI* (ATTT/AAAT)、または26塩基認識の*I-CeuI*で染色体DNAを消化したのちパルスフィールド電気泳動によりDNA断片を分離した。*PmeI*消化により140 kb~1250 kbの6 DNA断片(合計2690 kb)、*SwaI*消化で4.4~550 kbの19断片(合計2714 kb)、*PmeI/SwaI*消化で25断片(2706 kb)がそれぞれ生じた。原核生物の23S rDNA中の保存配列を認識する*I-CeuI*で消化することにより2個のrDNAオペロンが600 kb離れた位置に存在することを明らかにした。さらに、約50の遺伝子または遺伝子クラスターを物理地図上にマップした。光化学系2の反応中心D1をコードする*psbA*遺伝子やD2をコードする*psbD*遺伝子はそれぞれ複数存在するが、染色体DNA上では互いに離れた位置に存在する。これまでに、糸状ラン藻の*Anabaena* 7120株、海水産単細胞性ラン藻*Synechococcus* 7002株、淡水産単細胞性ラン藻*Synechocystis* 6803株のゲノムの物理地図と遺伝子地図が決定されているが、ゲノムサイズと遺伝子座はラン藻の種によって大きく異なっていることが明らかとなった。

Synechococcus 6301株と近縁な*Synechococcus* 7942株は、外来DNAを自然に細胞内に取り込み相同組換えを起こすことから、ラン藻の遺伝子操作に広く利用されている。6301株と7942株のゲノムの物理地図を比較したところ、およそ220kbの領域が逆位していることが判明した。ゲノムの部分的な再編成による新しい形質の発現の可能性が示唆される。

Cyanobacterial genomes. Mamoru Sugita, Masahiro Sugiura (Center for Gene Research, Nagoya Univ.)

【Key Words】cyanobacteria, genome, *Synechococcus* PCC6301, *Synechococcus* PCC7942, *Synechocystis* PCC6803, progenitor of chloroplasts