

105

Saccharomyces cerevisiae の変異処理によるポリガラクトナーゼ
遺伝子の発現 (阪府大・農・応生化、*近畿大・農・食栄)

○広瀬 直人、岸田 正夫、川崎 東彦、坂井 拓夫*

【目的】 従来、*S. cerevisiae* はペクチナーゼを生産しないと考えられてきたが、最近、ペクチナーゼを生産する菌株が見い出されている。演者らは *Saccharomyces* 属と近縁とされている *Kluyveromyces* 属にペクチナーゼを生産する菌株が多く存在することから、*S. cerevisiae* はペクチナーゼ遺伝子を持っているが、通常サイレントな状態にあるのではないかと考え、突然変異処理によるペクチナーゼ遺伝子の発現を試みた。

【方法及び結果】 ペクチナーゼ非生産性の DKD-5D-H 株を EMS で処理することによって、ポリガラクトナーゼ(PGase)生産能を持つ変異株 SSM52 を得た。この生産するPGaseは *K. marxianus* や *K. fragilis* の生産する PGase と免疫学的に類似していた。また、この PGase の生産性は培地に 100mM の CaCl_2 を添加すると飛躍的に増大した。

Expression of polygaracturonase gene by a mutation in *Saccharomyces cerevisiae*.

○Naoto Hirose, Masao Kishida, Haruhiko Kawasaki, Takuo Sakai*

(Dept. Appl. Biochem., Osaka Pref. Univ., *Dept. Food Sci., Kinki Univ.)

【Key Words】 *Saccharomyces cerevisiae*, Polygaracturonase, Mutagenesis, Gene expression

106

硝化細菌におけるRubisCO遺伝子の構造と比較

(日大・生資科・農化) ○長岡 里香、中島 寛明、中野 政之、
高橋 令二、徳山 龍明

【目的】 演者らは、独立栄養性硝化細菌である、亜硝酸酸化菌 *Nitrobacter agilis* ATCC14123株の炭酸固定反応の鍵酵素であるRubisCOを精製し、酵素化学的諸性質について明らかにした¹⁾。今回 *N. agilis* をはじめ他の硝化細菌の本酵素遺伝子をPCRによりクローニングと塩基配列解析を行い、硝化細菌間のRubisCO遺伝子構造の比較検討を試みた。

【方法及び結果】 *N. agilis* のRubisCOより決定したL,SサブユニットのN末端アミノ酸配列¹⁾、および既知の *cbb L* 上流、*cbb S* 下流の塩基配列から数種のオリゴヌクレオチドプライマーを合成し、*N. agilis* の染色体DNAを鋳型としてPCRを行ない塩基配列を決定した。その結果 *cbb L* は473アミノ酸をコードし、74bの遺伝子間領域を介し *cbb S* は108アミノ酸をコードしていることが明らかになった。*N. agilis* の *cbb L* は化学合成細菌の *cbb L* に対し比較的高い相同性を示した。現在、他の硝化細菌由来の *cbb L*、*cbb S* についても構造解析及び本菌株との比較検討を進めており、その結果についても言及する。

1) Masuko, T. et al. : J. Ferment. Bioeng., **81**, 262-265 (1996)

Comparison of nucleotide sequence of RubisCO gene in nitrifying bacteria.

○Rika Nagaoka, Hiroaki Nakashima, Masayuki Nakano, Reiji Takahashi, Tatsuaki Tokuyama (Dept. Agr. Biol. Chem., Nihon Univ.)

【Key words】 Nitrifying bacteria, RubisCO, *cbb L*, *cbb S*