

517 大腸菌ゲノム DNA 配列の再解析

○大福裕子^{1,2,3,4}、東 慶直^{1,2}、天野直己^{1,2,5}、鈴木理^{1,2,6} (¹生命工学工業技術研究所・構造生物学研究施設、²科学技術振興事業団・戦略的基礎研究、³筑波大・農、⁴製品評価技術センター、⁵筑波大・医、⁶東大・総合文化研究科)

今日までに、大腸菌を含めて多数の真正細菌種のゲノム全 DNA 配列が決定されているが、その生物科学的な解析は必ずしも進んでいない。これは、解析の第 1 段階となるフルセットの遺伝子同定が正確に行われていないためである。遺伝子は開始コドンで始まり終始コドンで終わる区画であるが、ゲノム DNA 配列中には遺伝子以外にこの条件を満たす区画がその数倍も含まれる。

本研究では生物科学的な研究が最も進んでいる大腸菌を例にとり、そのゲノム全 DNA 配列を再解析し、遺伝子を正確に同定するための情報科学理論を確立するとともに、真正細菌全般に応用可能な遺伝子同定アルゴリズムの構築を目標とする。

情報科学的な遺伝子同定とは、遺伝子であることが生物学的に保証されている少数の例から、全ての遺伝子に共通する物理的な性格を抽出し、この情報に照らしながら全遺伝子候補（大腸菌では約 3,8000 個）を、本当の遺伝子であるアタリ群（約 5000 個）とハズレ群（約 3,3000 個）に 2 分する操作である。本研究グループが古細菌用に開発したアルゴリズムをもとに、現在大腸菌のためのアルゴリズムを開発しつつある。古細菌では全遺伝子に共通する転写シグナル(TBP,TBP 結合配列)があるのに対し、大腸菌では、7 種以上の σ 因子が結合する多数の転写シグナルが択一的に使用されている。このような点で、大腸菌のためにはより高度な情報科学理論のアルゴリズムが必要となる。

Re-analysis of Genomic DNA Sequence of *Escherichia coli*

○Yuko Ohfuku^{1,2,3,4}, Yoshinao Azuma^{1,2}, Naoki Amano^{1,2,5}, Masashi Suzuki^{1,2,6}.

¹AIST-NIBHT CREST Centre of Structural Biology, Tsukuba, Japan. ²Core Research for Evolutional Science and Technology (CREST) Project, JST, Tokyo, Japan, ³Doctoral Program in Agricultural Sciences, University of Tsukuba, Tsukuba, Japan, ⁴National Institute of Technology and Evaluation, Tokyo Japan, ⁵Doctoral Program in Medical Sciences, University of Tsukuba, Tokyo Japan, ⁶Graduate School of Human and Environmental Sciences, University of Tokyo, Tokyo, Japan

遺伝子同定、情報科学、ゲノム解析

518 枯草菌ゲノム解析と細胞壁溶解酵素遺伝子

(信州大・繊維・応生) 大西 亮, 山本博規, O 関口順一

【目的】 枯草菌ゲノム解析より細胞壁溶解酵素遺伝子が 26 存在することが明らかとなった. 1) その内一番多い遺伝子は *N*-acetylmuramoyl-L-alanine amidase 遺伝子で 13 遺伝子有り, 次にペプチドグリカンのペプチド鎖を切る endopeptidase の遺伝子が 7 つ存在していた. 2) そこで endopeptidase 遺伝子の 1 つ *yojL* を含む遺伝子の産物の細胞での機能を解析した.

【方法及び結果】 遺伝子の失活には挿入失活型で *lacZ* レポーター遺伝子を持つ pMUTIN2 プラスミドを使った. *yojL* 遺伝子是对数増殖後期に最も強く発現し, 定常期後期にも発現が見られた. この遺伝子産物は C 末端領域が触媒活性ドメインと推定され, 一方 N 末端領域は細胞壁結合酵素によく見られるアミノ酸配列の繰り返しを持つドメインから成っていた. その活性ドメインを His-tag を付加して大腸菌で発現させ, 細胞壁溶解活性を調べたところ, pH 5.5-8.5 の広い範囲で高い活性が認められた. *yojL* と *cwlE* の 2 重変異株は単独の変異株に比べて, 顕著に細胞が繊維状化しており, 両酵素は細胞の分離に関係していた.

1) Kunst, F. et al. (1997) Nature 390: 249-256. 2) 関口順一 (1999) J. Antibact. Antifung. Agents 27: 19-32.

Genome analysis and cell wall hydrolase genes of *Bacillus subtilis*

Ryo Ohnishi, Hiroki Yamamoto, O Junichi Sekiguchi (Dept. Appl. Biol., Shinshu Univ.)

【Key Words】 *Bacillus subtilis*, genome analysis, peptidoglycan hydrolase