

- 4S161 高度不飽和脂肪酸を生産する低温細菌の脂肪酸合成について
 ○森田直樹^{*}、田中美加^{**}、奥山英登志^{***}（^{*}工技院・北工研、^{**}JST・
 科技特別研究員、^{***}北大院・地球環境・環境分子生物）

【目的】低温域に棲息する細菌には、細胞膜のアシル鎖成分としてエイコサペンタエン酸（EPA）やドコサヘキサエン酸（DHA）などの高度不飽和脂肪酸（PUFA）を持つ菌株が知られており、低温環境への適応とPUFAとの関係について関心が払われている。しかし、PUFA生産細菌の脂肪酸合成機構については不明な点が多い。本研究では細菌においてPUFAが担っている生理機能の解明を目的に、その脂肪酸合成について生化学的、分子生物学的に検討した。

【結果及び考察】大腸菌や枯草菌などの脂肪酸合成酵素遺伝子（*fab* 遺伝子群）とのホモロジーを利用して、EPA生産細菌 *Shewanella* sp. IK-1 株からはEPA合成酵素遺伝子群、DHA生産細菌 *Moritella marina* (*Vibrio marinus*) MP-1 株からはDHA合成酵素遺伝子群をクローニングし¹⁾、これら遺伝子群の大腸菌における発現を確認した。更に、それぞれのPUFA生産細菌から、PUFA合成酵素遺伝子群とは別に *fab* 遺伝子群をクローニングした²⁾。一方、PUFA生産細菌を脂肪酸合成阻害剤であるセルレニンを加えた培地で培養すると、シス-バクセン酸（18:1）やパルミトオレイン酸（16:1）の減少とラウリン酸（12:0）（またはミリスチン酸（14:0））の増加及びEPAまたはDHAの顕著な増加が見られた。この結果は、16:1と18:1に至る中鎖脂肪酸合成系とPUFA合成系が、それぞれ独立に機能していることを示唆している。しかし、セルレニンの添加によって細胞の乾燥重量当たりの中鎖脂肪酸の総量は減少するが、PUFAの総量は増加することから、PUFA生産細菌の2つの脂肪酸合成系は共通の初発物質（プライマー）を利用していると予想される。

PUFA生産細菌は、そのPUFA合成酵素遺伝子群の中に既知の酸素依存型脂肪酸不飽和化酵素遺伝子と類似性を示す配列を持たないこと、嫌気条件でもPUFAを合成するという報告³⁾があることなどから、全く未知の脂肪酸高度不飽和化機構を持っていると考えられる。興味深いことにPUFA合成酵素遺伝子群には、嫌氣的モノ不飽和脂肪酸合成系において、二重結合を導入する際に必須である β -ヒドロキシデカノイル-ACPデヒドラーゼ（HDD）の遺伝子と類似性を示す2つのドメインが存在する。我々はこのHDDドメインがPUFA生産細菌における脂肪酸の高度不飽和化に重要な働きを担っていると考えており、その機能解析を進めている。

1) Tanaka, M., et al.: *Biotechnol. Lett.*, **21**, 641 (1999). 2) Morita, N., et al.: *Biotechnol. Lett.*, **21**, 939 (1999). 3) Nichols, D.S., et al.: *FEMS Microbiol. Lett.*, **98**, 117 (1992).

Fatty acid biosynthesis in polyunsaturated fatty acid-producing cold-adapted bacteria

○ Naoki Morita^{*}, Mika Tanaka^{**}, Hidetoshi Okuyama^{***}（^{*}Hokkaido Natl. Ind. Res. Inst., AIST/MITI, ^{**}Domestic Research Fellow, JST, ^{***}Lab. Environ. Mol. Biol., Grad. Sch. Environ. Earth Sci, Hokkaido Univ.）

【Key Words】 Polyunsaturated fatty acids, DHA, EPA, Cold-adapted bacteria