シアノファージ Ma-LMM01 のゲノムにコードされた 2 つ溶菌酵素遺伝子の大腸菌による発現

○細田直彦1、吉田天士1、黒川洋一1、高島ゆかり 1、広石伸互1、緒方博之2、長崎慶三3
1福井県大・生物資源、2フランス・CNRS、3水総セ・瀬戸内水研

Expression of two lytic enzyme genes on a genome of the cyanophage Ma-LMM01 in *Escherichia coli*

^ONaohiko Hosoda¹, Takashi Yoshida¹, Youichi Kurokawa¹, Yukari Takashima¹, Shingo Hiroishi¹, Hiroyuki Ogata², and Keizo Nagasaki³

¹Department of MarineBioscience,Faculty of biotechnology, Fukui Prefectural University, ²Centre National De La Recherche Scientifique, France, ³ National Research Institute of Fisheries and Environment of Inland Sea, Fisheries Research Agency

Keywords: Microcystis, Cyanobacteria, Cyanophage, Lysozyme

【目的】近年、湖沼において、有害・有毒ラン藻の大量発生による水資源の毒化、カビ臭の発生および景観の悪化といった問題が生じている。これまでに、演者らは有毒ラン藻 Microcystis aeruginosa NIES298 株に感染するシアノファージ Ma-LMM01 を世界で初めて分離し、その全ゲノムの解読を終了した¹⁾。そのゲノム上に認められた約 180 個の ORF のうち、28 個の ORF について機能が予測されており、本ファージと宿主との相互作用を解明する上で、それらの機能を解明することは非常に重要である。本研究では、ファージ感染後、宿主の溶菌時に必要とされる 2 種の異なる溶菌酵素遺伝子に注目し、それらの大腸菌での発現を試みた。

【方法】Ma-LMM01 のゲノム情報をもとに、溶菌酵素遺伝子(ORF69 および 95)を標的としたプライマーを設計し、Ma-LMM01 の DNA を鋳型として PCR を行った。増幅産物を pTrc 系ベクターに挿入し、大腸菌 JM109 に形質転換させた。カルベニシリン添加 LB 寒天培地にて形質転換体のスクリーニングを行ない、IPTG 誘導後、超音波破砕法を用い細胞由来の全タンパク質を SDS-PAGE に供した。

【結果および考察】ゲノム解析の結果、本ファージは感染初期と後期の2つの異なる遺伝子転写単位から構成されるものと推察され、ORF69と ORF95はいずれも後期転写遺伝子群のコード領域に認められた。ORF69と ORF95は、それぞれ251および357アミノ酸残基をコードし、それらの分子量は約28.7 KDa および42.7 KDa であると推定された。さらに2つのORFについてBlastXによる相同性検索を行ったところ、ORF69はPseudomonas sp.のリゾチームと44%の相同性を示した。また、ORF95は2つの機能領域を有し、N末端部はλファージ由来のリゾチームと82.7%、C末端部はSynechocystis sp.の細胞膜タンパク質に関与するメタロエンドペプチダーゼと53.4%の相同性を示した。ORF69の形質転換体は誘導開始2時間後より溶菌による顕著なOD値の減少が見られ、約28KDaのタンパク質の発現を確認した。一方、pTrc-OmpTベクターを用いたORF95の形質転換体に対して発現誘導したところ、OD値の減少が見られたが、タンパク質の発現量は少なく検出限界以下であった。現在、これら誘導タンパク質の更なる性状解析を進めている。高等生物由来のリゾチームと異なり、ファージタイプのリゾチームは基質特異性の高いことが知られており、宿主域の決定に関与する可能性が示唆されている。今後、Ma-LMM01ゲノムがコードするリゾチームの基質特異性を明らかにすることで、ラン薬ーファージ間における相互作用の解明につながるものと期待される。

1) Yoshida, T. et al. 2006. Appl. Environ. Microbiol. 72: 1239-47

細田直彦 Naohiko Hosoda: s0674010@fpu.ac.jp