

Nostoc 属ラン藻におけるトレハロ
ース代謝系酵素遺伝子の比較

金沢大学理学部生物学科

0405040905 平谷栄梨

要旨

陸棲ラン藻 *Nostoc commune* (イシクラゲ) は世界中の陸地に分布しており、数珠状に連なった細胞がゼリー状の細胞外多糖類に包まれ、目に見える大きさのコロニーを形成する。陸上環境に適応して生育しているため、乾燥、
、強光などのストレスにさらされている。一方、水棲の *Nostoc* 属ラン藻である *Nostoc verrucosum* (アシツキ) は細胞外多糖類をもつが、乾燥に対して耐性を示さない。

これまでに、*N. commune* についておこなわれた研究により、細胞外多糖類が乾燥耐性に関連していることがわかっている。また、*N. commune* の細胞内に適合溶質としてトレハロースが乾燥過程で蓄積されることが示されている。全ゲノム配列が決定している糸状性ラン藻 *Anabena* sp. PCC7120 では、グルコースのポリマーであるオリゴマルトデキストランやグリコーゲンからトレハロースを合成する TreY/TreZ 経路の酵素遺伝子 *treZ*、*treY*、およびトレハロースをグルコースに加水分解する酵素トレハラーゼの遺伝子 *treH* がひとつの転写単位を構成している。また、*N. commune* に近縁なラン藻 *N. punctiforme* を用いた生化学的解析によりトレハラーゼの活性の制御によってトレハロースの蓄積が制御されていることが示唆されている。

本研究では、陸棲の *N. commune* と水棲の *N. verrucosum* との間でトレハロース代謝系酵素遺伝子の比較を行った。既に報告されている *N. punctiforme* の *treY*、

treZ、*treH* の遺伝子の塩基配列にもとづいて、それぞれに特異的なプライマーを設計した。ゲノムDNAをテンプレートとし、PCRにより増幅されたDNA断片についてダイレクトシーケンスをおこなった。その結果、*N. commune* ではそれぞれの遺伝子を部分的に含んでいるDNA断片を増幅することができ、*treZ* 1.5 kb、*treY* 2.3 kb、*treH* 1.5 kb の部分塩基配列を決定することができた。また *N. verrucosum* については *treH* 遺伝子を部分的に含むDNA断片を増幅することができた。並行して、*N. commune* KU002 由来の *treZ* 1.3 kb および *treY* 1.2 kb のPCR産物をプローブとして用いて、*N. verrucosum* のゲノムDNAについてサザンハイブリダイゼーション解析を行った。その結果プローブとハイブリダイズするシグナルが検出されトレハロース合成系遺伝子が *N. verrucosum* にも存在することが示された。

現在、*N. verrucosum* のトレハロース代謝系遺伝子について塩基配列を解析中である。トレハロース代謝系酵素遺伝子の塩基配列を決定した後にストレスに応答した転写制御を解析することができるようになる。さらに、乾燥耐性の有無がトレハロース代謝系酵素の生化学的性質の違いと相関があるのかどうかを比較解析し、これにより、トレハロースの蓄積が *N. commune* 乾燥耐性に役割を担うのかどうかを明らかにできると考えている。