

報告番号 ※ 甲 第 2135 号

# 主論文の要旨

題名

Ribosomal Protein genes of Micrococcus luteus:  
Organization and novel Codon Usage

(単球菌のリボソーム蛋白遺伝子に関する研究:  
遺伝子構成と新しい遺伝暗号選択型について)

氏名 大濱 武

# 主論文の要旨

報告番号

※甲第

号

氏名

大濱 武

リボソームの機能及びそれを構成するリボソームタンパクに関する研究は主として大腸菌についておこなわれてきた。しかし、進化的、系統的な観点からの研究も不可欠であり、そのためには大腸菌と系統的にかけ離れていると思われる細菌についての研究が必要である。5S rRNAの塩基配列の比較により推定される系統関係によると大腸菌、単球菌(Micrococcus)、マイコプラズマ(Mycoplasma)の3種は互いに遠くかけ離れているとされている。また、この3種のゲノムG+C含量は、大腸菌50%、単球菌75%、マイコプラズマ25%と極端にちがっている。単球菌の75%、マイコプラズマの25%という値は、生物界の中で最高、最低の値である。このようなゲノムG+C含量が遺伝暗号の選択にどのような影響を及ぼしているかも注目される。大腸菌については既にリボソームタンパク遺伝子群の大半についてそのDNA塩基配列が決定されており、マイコプラズマについては、S10-オペロン、スプ74/1マイシン-オペロンについて塩基配列が決定されているが、単球菌のタンパク遺伝子についてはまったく解析がなされていなかった。単球菌リボソームタンパク遺伝子群の解析は先に述べた理由から是非とも必要であると考えた。

薬剤耐性を指標とする形質転換法を利用して、単球菌からストレプトマイシン-オペロン、スプ74/1マイシン-オペロンをクローニングし

全塩基配列を決定した。単球菌のストラプトマイシンオペロンには、リボソームタンパク S12, S7 とペプチド鎖延長因子 EF-G と EF-Tu が含まれ、その遺伝子構成は大腸菌と同じであることがわかった。また、ストラプトマイシンオペロンにはリボソームタンパク L14, L24, L5, S8, L6, L18, S5, L30, L15 遺伝子とタンパク分泌に関与する遺伝子 *secY* と アデニル酸キナーゼ 遺伝子 (*ack*) が存在することがわかった。この遺伝子構成を大腸菌と比較すると、S14 リボソームタンパク遺伝子及び X と呼ばれる遺伝子が単球菌ではストラプトマイシンオペロン内には存在しないことがわかった。また逆に大腸菌では、このオペロンと遠く離れた位置に存在するアデニル酸キナーゼ遺伝子がこのオペロン下流に存在することがわかった。リボソームタンパクのアミノ酸配列を大腸菌、単球菌、マイコプラズマ間で比較すると相互に 40-65% の相似度をタンパク間に示し、よく保存されている。また、タンパク間の相似度が相互にほぼ同じ値を示している点は、3種がほぼ同じ年代に分岐したという 5S rRNA による結果と一致するものであった。単球菌における G+C 含量はその遺伝暗号選択型に強く反映されており、遺伝暗号の 3文字目の 94% は G または C であった。また 3文字目が A である 7つの遺伝暗号はこれまでに知られている 5,000 におよぶ遺伝暗号中でその使用例がなかった。また 15 遺伝子中、8つの遺伝子の開始暗号は GUG であり 7つが AUG であった。このことは多くの生物種で AUG が

効率のよい通常の開始暗号である事を考えると注目すべき特徴であると考えられる。単球菌内ではこのような偏った遺伝暗号型を効率よく認識できる転移RNAがゲノムG+C含量の上昇に伴って増え、不用になった転移RNAが減少あるいは消滅していると考えられる。また、単球菌では、大腸菌にみられるような典型的なTATA配列が見あたらない。単球菌ではそのゲノム高G+C含量のためにプロモーター配列もG,Cを多く含む配列に変更されている可能性が強い。

ゲノムG+C含量が生物種間で大きく異なる原因については知られていない。しかし、単球菌やマイコプラズマのような極端にゲノムG+C含量の高いもの、低いものの解析からそれがゲノム全体に作用するものであること、転移RNAの構成、遺伝暗号選択型などに強い影響を与える強力なものであることがわかった。このようなことから、ゲノムG+C含量に影響を与えている要因は、DNA複製に関与している酵素あるいは、DNA損傷・修復に関与している酵素が強くかかわっているものと推定される。