

助成年度：平成5年度

[所属] 大阪大学 工学部応用生物工学科

[役職] 助手

[氏名] 小川 暢男

[課題]

生物による汚水からのリン酸除去機構解明に対する

分子遺伝的アプローチ

[内容]

湖沼におけるリン酸は、富栄養化の主原因のひとつであるが、生物にとっては、生育上欠くことのできな
い必須栄養素のひとつである。現在、微生物、藻類および葦などの植物による環境（汚水）からのリン酸除
去法はいくつか知られているが、いずれにおいても生物学的基礎理論が不明瞭なまま技術改良がなされてい
る。本研究の目的は、遺伝子操作技術が適応可能な真核微生物の酵母をモデル生物として用い、そのリン酸
取り込み・代謝および蓄積機構を分子遺伝的に明らかにすることである。その結果は、基本的に他の生物種
にも適用可能であると考えられ、生物を用いた環境浄化システムへの基礎理論を提供することを目指してい
る。

まず、培地（外界環境）中のリン酸を細胞内に取り込む酵素についての知見を得るために、その酵素をコ
ードする遺伝子の解析を行った。PH084 遺伝子は、出芽酵母において、リン酸に高い親和性を持つ取り込み
酵素をコードしている。その PH084 遺伝子の発現量を制御している DNA 領域を、PH084 遺伝子のプロモータ
ー領域内に同定した。それは 9 塩基対からなる短い配列で、外界が低リン酸濃度の時、Pho4 タンパク質がそ
の配列に結合することにより、PH084 遺伝子の発現が上昇することがわかった。その 9 塩基配列を酵母デー
タベースで検索したところ、20 数個の遺伝子がリストアップでき、リン酸取り込み・代謝機構に関与する遺
伝子の候補と考えられる。一方、リン酸のアナログ物質のヒ酸耐性変異株から、PH086 および PH087 の 2 種
の遺伝子を同定したところ、それらもリン酸取り込みに関与していることがわかった。PH084 と併せて 3 種
の遺伝子が、酵母において外界のリン酸の細胞内取り込みに作用していることが明らかになった。

次に、リン酸の細胞内代謝に関与する遺伝子を、ph084 と ph087 の二重変異株を利用してクローニングし
た。この遺伝子は、タンパク質脱リン酸化酵素をコードすることが塩基配列から推定され、Ph084 および Ph086
タンパク質の機能を調節していることが予想される。

現在のところ、外界のリン酸の細胞への入り口を大きくするための遺伝子は獲得し、分子生物学的解析が
出来た。特に、リン酸取り込み酵素遺伝子 PH084 の発現量を上昇させる機構についてはかなり解明できた。
それらを出発点にして、今後、細胞内にはいったリン酸を代謝・蓄積する機構に対してアプローチすること
が残された課題である。