

Lactobacillus reuteri と Lactobacillus fermentum の 全ゲノムシーケンスおよび有用遺伝子の解析

森田 英利¹, 政岡 俊夫¹, 堀川 洋¹, 鈴木 武人¹, 茅根 士郎¹
 和田 恭則¹, 有嶋 和義¹, 木内 明男¹, 坂田 亮一¹, 紫野 正雄¹
 内藤 博之¹, 斉籐 康秀¹, 西田 利穂¹, 印牧 信行¹, 滝沢 達也¹
 加藤 行男¹, 村上 賢¹, 福岡 秀雄¹, 福山 正文², 岸川 正剛²
 久松 伸², 柴 忠義³, 吉村 哲彦⁴, 服部 正平⁵

¹麻布大・獣医, ²麻布大・環境保健, ³北里大・理, ⁴(財)山形県企業振興公社・
 生物ラジカル研究所, ⁵北里大・北里生命科学研究センター／理研・ゲノム科学総合研究センター

L. reuteri と L. fermentum は、分類学上の生理生化学的諸性状が一致するにもかかわらず、プロバイオティクス効果の知見は L. reuteri に集中している。プロバイオティクス効果と遺伝的な背景を考察するために、両菌種の全ゲノムシーケンスを決定し比較ゲノムによる両菌種の遺伝的な特徴づけを行ったので得られた知見を報告する。

ゲノムサイズは両菌株とも約 1.9 Mb でほぼ同様であったが、両菌株のゲノムの制限酵素地図的にはかなり異なっていた。ORF の数はそれぞれ 1,700 ぐらいで、輸送、エネルギー代謝に分類される遺伝子が主であった。

L. reuteri の pdu cluster には、dha regulon ではみられない polyhedral organelles 形成に関与する遺伝子群が存在していた。dha regulon を有する他の細菌では、細胞毒性を発揮するロイテリンが多量に産生されないように glycerol dehydratase と 1,3-propanediol dehydrogenase の発現が同調的な転写制御を受けているが、L. reuteri では 1,3-propanediol dehydrogenase が

dehydratase とは異なるゲノム上の離れた位置に存在し別の制御系によって調節されていた。また、L. reuteri にはグリセロールからロイテリンを経て 1,3-プロパンジオールを産生する還元反応系だけでなく、グリセロールから 3-ヒドロキシプロピオン酸を産生する酸化反応系が存在していた。

他の細菌で確認されている dehydratase の補酵素アデノシルコバラミン生合成に関与する構造遺伝子群を L. reuteri の pdu cluster 下流で検出した。他の細菌の cob/cbi cluster では、異なるゲノム上の離れた位置に存在している hemABCL, cobACD および cysG 遺伝子が、L. reuteri においては cob/cbi cluster 内に位置していた。以上の点は、lactobacilli の中で L. reuteri のみ見られるロイテリン（抗菌物質）が多量に産生される原因である。また、哺乳動物の腸管内で有利なエネルギー獲得系と他の細菌の生育抑制によって、プロバイオティクス lactobacilli として重要な腸管生存性に貢献するものと考えられた。