

II-PS19

Rhodotorula 属酵母における フェノール中間代謝物

山梨大学工学部 正会員 平山けい子
 山梨県衛生公害研究所 飛田 修作
 山梨大学工学部 正会員 平山 公明

1. はじめに

前報¹⁾において、演者らは、*Rhodotorula* (*Rh.*) 属酵母が phenol 分解能を有すること、*Rh. rubra* IFO 0892 および 1101 株による phenol の分解が catechol 経由であり、catechol のオルト開裂により cis, cis-muconic acid が生成されることを明らかにした。今回、phenol 中間代謝物として muconolactone、 β -keto-adipate enol-lactone、および muconolactone から β -ketoadipic acid の生成を GC/MS、HPLC により分離、同定したので以下報告する。

2. 実験方法

本実験においては、*Rh. rubra* IFO 0892 および 1101 株（以下、0892 株、1101 株）を使用した。200mg/l phenol を含む培地¹⁾で、48 時間培養を行ったのち、集菌洗浄した菌体（0.1g）を 200ml 三角フラスコ中の 200mg/l phenol 溶液 50ml に懸濁し 30°C、130rpm のローテーショナルで 40 時間培養した。遠心分離後の上清を 0.45 μm メソフィルタにてろ過

し、phenol 中間代謝物の分析に用いた。また、菌体（0.1g）を 50mg/l phenol 溶液にて同様に培養し、DOC、phenol 中間代謝物濃度を経時的に測定した。一方、超音波破碎器を用いて調製した cell-free extract を用いて muconolactone から β -ketoadipic acid の生成を確認する実験を行った。Phenol 中間代謝物は、HPLC および GC/MS により分析した。HPLC 分析には培養後のろ液を無処理、ないし 2,4-dinitrophenylhydrazine (2,4-DNPH) により誘導体化²⁾した試料を用いた。GC/MS 分析においては、N,O-bis(trimethylsilyl)-acetoamide により TMS 誘導体化¹⁾して測定を行った。

3. 結果及び考察

Fig. 1a および 1b に phenol 分解に伴う DOC および phenol 中間代謝物の経時的变化を示した。4 日間の培養期間中 phenol は、0892 株において 44.5mg/l (0.47 mM) から 0.32mg/l (0.03 mM) に減少した。また、DOC は、52.1mg/l から 36.2mg/l に減少した。DOC の減少は C 源としての phenol の利用に由来するものと推察された。1101 株においても同様の傾向が観察された。一方、培地中に phenol を添加せずに培養した菌体を用いて同様の実験を行ったところ、両菌株とも、DOC、phenol の減少量、phenol 中間代謝物濃度全般において低かったことから、phenol 代謝にかかわる酵素に誘導型の酵素が存在する可能性が考えられた。

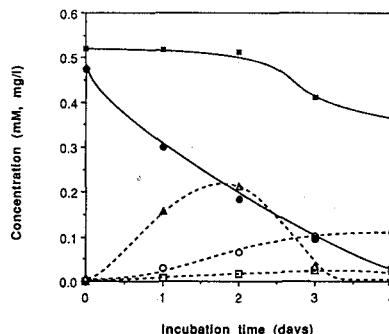


Fig. 1a Time course of degradation of phenol by the phenol-grown cells of *Rhodotorula rubra* IFO 0892.

■ Muconolactone (mM), ○ cis,cis-Muconic acid (mM), ▲ Catechol (mM)
 ● Phenol (mM), ■ DOC (x100 mg/l)

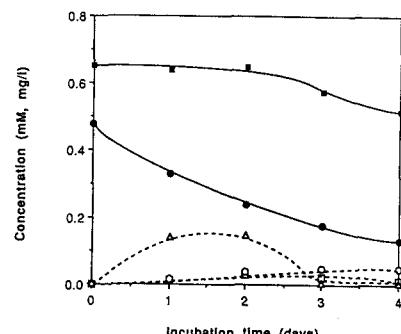


Fig. 1b Time course of degradation of phenol by the phenol-grown cells of *Rhodotorula rubra* IFO 1101.

■ Muconolactone (mM), ○ cis,cis-Muconic acid (mM), ▲ Catechol (mM)
 ● Phenol (mM), ■ DOC (x100 mg/l)

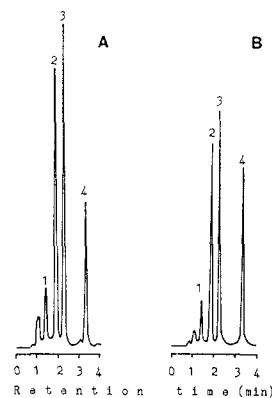


Fig. 2 Typical HPLC chromatograms at a wavelength of 230 nm of phenol metabolites in *Rh. rubra* IFO 0892 (A) and 1101 (B).

1. muconolactone 2. cis,cis-Muconic acid

3. catechol 4. phenol

Fig.2に0892および1101株におけるphenol中間代謝物のHPLCクロマトグラムを示した。各ピークのRTは、catechol, cis,cis-muconic acid, muconolactoneの各標準物質のRTと一致していた。また標準物質とのco-HPLCクロマトグラムにおけるピークも一致していた。Fig.3に0892および1101株のcell-free extractによりmuconolactoneから生成された β -ketoadipic acidを、2,4-DNPHにて誘導体化し測定したHPLCクロマトグラムを示した。Fig.3中のピーク2のRTは、 β -ketoadipic acid標準品の2,4-dinitrophenylhydrazoneのRTと一致しており、co-HPLCにおいても同一のピークを示した。

Fig.4に0892株と1101株におけるTMS誘導体化したphenol代謝物のトータルイオンクロマトグラム(TIC)を示した。Fig.4中のピーク2は、muconolactone標準品のTMS誘導体のRTおよびMSスペクトル(MS)に一致していた。 β -ketoadipate enol-lactoneは、調製・保存共に困難なため³⁾標準品と比較することはできなかったが、Fig.4のピーク4のMS中のM⁺イオン(m/z 286)とM-C₃H₃(m/z 271)は、 β -ketoadipate enol-lactone(enol form)のTMS誘導体の存在を示唆するものと考えられる。Fig.5は両菌株のcell-free extractによるmuconolactone代謝物のTICを示したものである。Fig.5中のピーク2は、 β -ketoadipic acid標準品のTMS誘導体(enol form)のRT、MS共に一致していた。尚、cell-free extract中には内生の β -ketoadipic acidは検出されなかった。また、whole cellによるphenol培養液中には、 β -ketoadipic acidは検出されなかった。従って、両菌株においては、 β -ketoadipate enol-lactoneが細胞外において生成された後に細胞内に取り込まれ続いて脱ラクトン化酵素により β -ketoadipic acidが生成されるものと推察された。

今回の実験において、Rh. rubra IFO 0892及び1101株におけるphenol中間代謝物としてmuconolactone, β -ketoadipate enol-lactone, β -ketoadipic acidが同定された。両菌株におけるphenol分解経路を推定し、Fig.6に示した。

参考文献

- 1) J. Gen. Appl. Microbiol., 37, (2), 1991 in press
- 2) 有機化合物の確認法 I, pp.244, 1967
- 3) Methods in Enzymology, 17A, 546, 1970

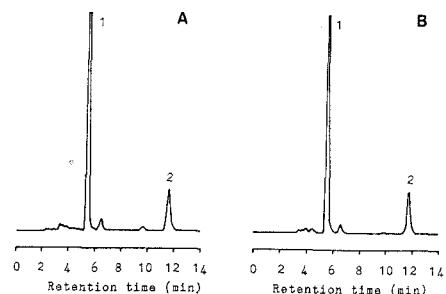


Fig. 3 Typical HPLC chromatograms at a wavelength of 350nm of 2,4-dinitrophenylhydrazone of β -ketoadipic acid in muconolactone metabolites by Rh. rubra IFO 0892 (A) and 1101 (B).

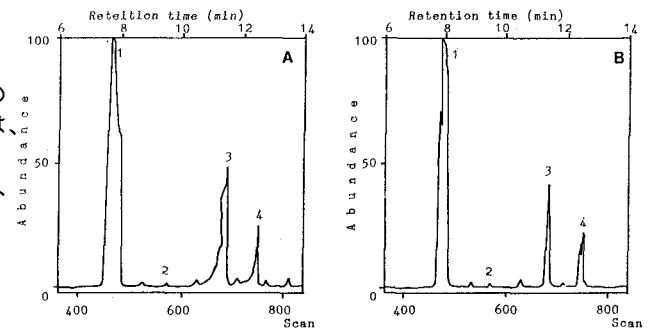
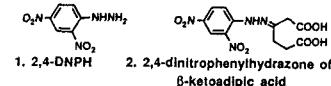


Fig. 4 Part of total ion chromatograms of TMS derivatized ethyl acetate extracts of phenol metabolites by Rh. rubra IFO 0892 (A) and 1101 (B). 1. catechol
2. muconolactone 3. cis,cis-muconic acid 4. β -ketoadipate enol-lactone (enol form)

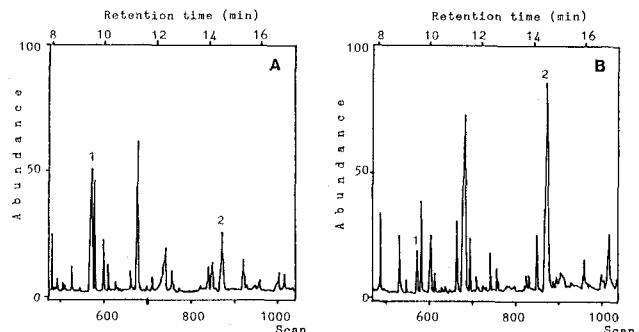


Fig. 5 Part of total ion chromatograms of TMS derivatized ethyl acetate extracts of muconolactone metabolites by Rh. rubra IFO 0892 (A) and 1101 (B). 1. muconolactone 2. β -ketoadipic acid (enol form)

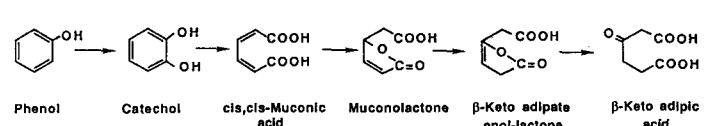


Fig. 6 Proposed metabolic pathway for the phenol degradation by Rh. rubra.