# ITS 配列を用いた Anabaena 属の遺伝子工学的分類に関する試み

東北学院大学工学部 学生員 ○青木勇人 東北学院大学大学院 村上将也,太田康裕 東北学院大学 正会員 韓 連熙 フェロー 石橋良信

#### 1. はじめに

本研究では、Anabaena 属の簡便で正確な分類を行い、湖沼等で問題になっているかび臭発生予測と、対処に寄与することを目的に研究を進めた。

遺伝子工学的手法により藍藻類を分類する際には、16S rRNA 遺伝子が多用されてきた. しかし、Anabaena 属の 16S rRNA 遺伝子は、種を越えて非常に相同性が高く 16S rRNA 遺伝子での分類は難しいことが知られている. また、16S rRNA 遺伝子と 23S rRNA 遺伝子の間にある ITS 配列についての研究も進みつつある.

本研究では、ITS 配列による Anabaena 属分類への適用、およびパターン解析の可能性について検討した.

### 2. 解析および実験方法

本研究で対象にした菌株 Anabaena 属は、かび臭産生物質である geosmin を産生する菌株、Anabaena spiroides、Anabaena flos-aquae、Anabaena circinalis、Anabaena lemmermannii である。また、適用した菌株は国立環境研究所微生物系統保存施設より購入し、実験に供した。4 株は TA クローニング後に相同性解析を行い、ITS 配列を決定した。TA クローニング中の PCR の際に使用したプライマーは、設計した 16S AF および 23S AR である。パターン解析では制限酵素による切断とインシリコによる解析を行った。

# 3. 実験結果および考察

Anabaena 属はコピー数が 4 個あることが、知られている. その違いにより多種の ITS 配列を保有していることが予想される. ITS 配列を増幅するよう設計した primer を適用し、PCR をかけた結果、図-1 のような泳動写真結果が得られた. 得られたバンドをそれぞれ、シーケンサーによる波形データとして解析し、確認できた.

解析の結果、それぞれの Anabaena 属はそれぞれ、ITS 配列を 3 種保有し、tRNA の有無により違いがみられた. 図-1、図-2、図-3 に ITS の構築図を示す. 4 株の ITS1、ITS2、ITS3 はそれぞれ長さと塩基配列はほぼ100%であった. しかし、ITS1、ITS2、ITS3 は長さ、塩基配列はそれぞれ異なっていた. したがって、Anabaena属は16S rRNA遺伝子、23S rRNA遺伝子と同様 ITS 配列も高い相同性であることが判明し、ITS 配列を適用した遺伝子工学的手法によっても、Anabaena属の分類は非常に困難であると考えられた.

1 サイズマーカー(λ-Hind III) 2 Anabaena cf. lemmermannii NIES 1674 3 Anabaena circinalis NIES 41 4 Anabaena flos-aquae NIES 75 5 Anabaena spiroides NIES 77

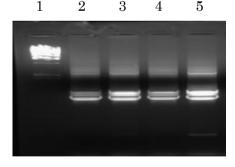


図-1 泳動写真

一方, Anabaena 属は 16S rRNA 遺伝子, 23S rRNA 遺伝子, さらに ITS 配列を一連とする塩基配列では,塩基配列に多少の違いがみられる.これを利用して制限酵素消化に伴うバンドの大きさ,数により判断することが可能なパターン解析 (RFLP 法)が適用できると考えられる.さらに,インシリコによる解析を行った.Gene Construction Kit Ver3 によるソフト解析によって得られた結果を図-5 に示す. ITS 配列でも判別できなかった Anabaena 属の分類は,制限酵素の種類によるパターン解析により,分類ができる可能性があると判断した.

キーワード:かび臭 Anabaena 属 分類 ITS 配列

住所:多賀城市中央一丁目 13-1·電話 022-368-7418, FAX: 022-368-7070

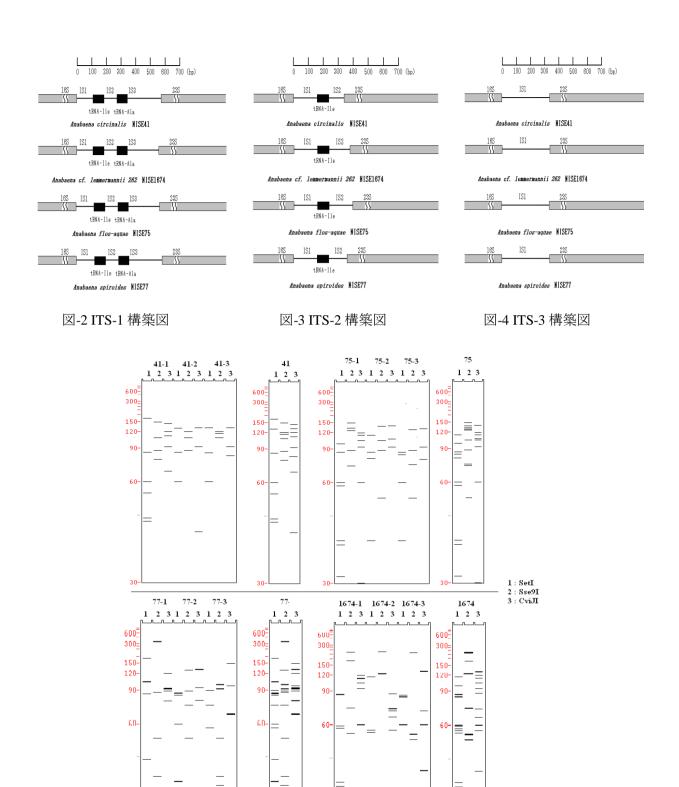


図-5 パターン解析結果

# 4.おわりに

ITS 配列では、Anabaena 属の分類は困難であった. しかし、パターン解析での塩基配列では 16S rRNA 遺伝子, ITS 配列よりも多少の違いが見受けら RFLP 法が Anabaena 属の分類に適用できる可能であると考えられる.