

図1：カロテノイド色素の構造式。本研究により集光アンテナとして機能することが示されたゼアキサントチン、ルテインと、既知の集光アンテナであるサリニキサントチンとエキネノンの構造式の比較。ゼアキサントチンとルテインは 4-ケト環構造(赤色の酸素原子)を持たない。

本研究では、陸域の特殊な環境以外に生息する微生物も、集光アンテナを備えたロドプシンを持つのかを調べました。イスラエルの淡水湖であるガリラヤ湖に生息する微生物を対象にメタゲノム解析を行い、ロドプシン遺伝子を探しました。この遺伝子を大腸菌に異種発現(注 5)させた後、精製したロドプシタンパク質へ、湖水から抽出・濃縮した色素を添加しました。その結果、レチナール色素の他に、ゼアキサントチンやルテインと結合する XR を見出しました(図 2)。さらに、この XR が利用できる光の波長を調べた結果、結合したゼアキサントチンやルテインが集光アンテナとして働き、受容した光エネルギーの約 40%をレチナール色素に移動させることが明らかになりました。

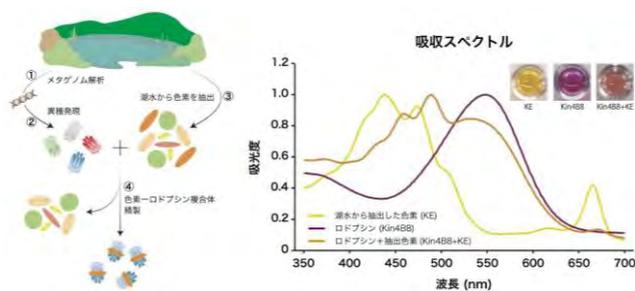


図 2：実験の流れとカロテノイド色素と結合したキサントロドプシンの吸収スペクトル。左図は実験の流れ、右図は結果を示している。キサントロドプシンと湖水から抽出した色素の一部(ルテイン)が結合したことが分かる。

本研究で見出された XR が、なぜ 4-ケト環構造を持たないゼアキサントチンを集光アンテナとして使うことができるのかを調べるため、クライオ電子顕微鏡を用いた単粒子構造解析(注 6)により、この XR の立体構造を決定しました(図 3)。

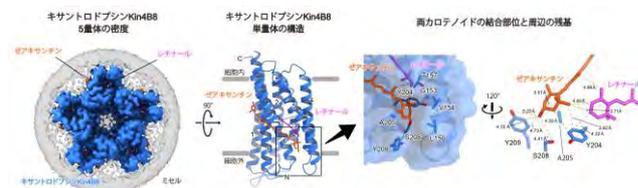


図 3：ゼアキサントチンが結合したキサントロドプシン Kin488 の立体構造。左図は得られた 5 量体の密度マップと、モデル構築した Kin488 単量体の構造。右図はゼアキサントチンの結合様式を示している。

XR は 5 量体を形成しており、タンパク質の表面に大きな横穴が空いた単量体のそれぞれの外側に、ゼアキサントチンが結合していました。結合したゼアキサントチンの水酸基環は横穴にはまっており、レチナール色素と直接相互作用していました。また、ゼアキサントチンの水酸基は溶媒に露出しており、まわりの親水性アミノ酸であるセリンやチロシンと相互作用していました。一方、既知の 4-ケト環構造を持つカロテノイドと結合する XR では、これらの残基の極性は疎水性になっており、これらの横穴を構成するアミノ酸残基の性質や構造の違いが、XR の間で結合するカロテノイド色素の違いを決めていると考えられます。

一方、地球表面積の約 7 割を占める海洋では、海洋表層に生息する細菌の半数以上が PR を保有することが知られていますが、その立体構造の特徴から集光アンテナを持たないと考えられていました。そこで学術研究船「淡青丸(注 7)」を用いた研究航海で、西部北太平洋から分離した海洋細菌(*Tenacibaculum* sp. SG-28)を対象とし、SG-28 株の持つ PR が集光アンテナを備えるかどうかを調べました。SG-28 株の持つ PR 遺伝子が大腸菌に異種発現させてタンパク質を精製した後、SG-28 株から抽出したカロテノイド色素を添加し、再度タンパク質精製を行いました。一連の解析から、SG-28 株が持つ PR は、SG-28 株が産生するゼアキサントチンを集光アンテナとして用いることを示しました(図 4)。



(注 6) 単粒子構造解析

電子顕微鏡で撮影した多数の生体分子の画像から、その立体構造を決定する構造解析手法。目的試料の結晶を作製しなくても立体構造情報を得ることができる。

(注 7) 淡青丸

独立行政法人海洋研究開発機構が所有していた学術研究船。本研究で用いた海洋細菌 (*Tenacibaculum* sp. SG-28) は KT-09-11 次研究航海で分離し、吉澤研究室で維持してきたサンプルである。

