

枯草菌の細胞システムのゲノムからの理解
Genome Biology of *Bacillus subtilis*
toward Understanding Network of Genes and Proteins in *B. subtilis* Cells

小笠原 直毅

Naotake Ogasawara

(奈良先端科学技術大学院大学)

(Nara Inst. Sci. Technol.)

e-mail: nogasawa@bs.naist.jp

枯草菌はグラム陽性細菌の代表として基礎研究のモデルとして長い研究の歴史と世界の研究者のネットワークを有している。一方では、有用タンパク質の工業的生産にも用いられている有用細菌でもある。その4.2Mbのゲノム配列は10年前に報告され[1]、それに続いて、系統的な遺伝子破壊株の作成による必須遺伝子の実験的な同定が行われた[2]。また、トランスクリプトーム解析、プロテオーム解析による、諸ストレスにより誘導される遺伝子とその制御機構の解明が進み、細胞内では、様々なストレスに対応するために複数のシステムが動き出すという、細胞内での遺伝子・タンパク質の動態の理解が進んでいる[3]。最近、我々は遺伝子間領域に高密度にプローブセットを配置したタイリングチップを作成し、転写産物のマッピングに加えて、RNAポリメラーゼや転写制御タンパク質のゲノム上の分布の解析を始めている[4]。その結果、ゲノム上で転写が行われている領域が見事に可視化され、遺伝子単位のマイクロアレイを使ったトランスクリプトーム解析とは質的に異なる情報が得られている。また、ゲノム上でのRNAポリメラーゼの動態も可視化でき、大腸菌とは異なる特性を持っていることが明らかになっている。今後、転写、複製、修復等に関与するタンパク質群が、細胞内で、協調的に、あるいは、競合的に働いている姿を明らかにすることにより、ゲノムの動作原理の新たなレベルでの理解を可能にすると考えられる。また、必須遺伝子の情報を用いて、枯草菌ゲノムに大規模な欠失を順次導入し、ゲノムサイズを小さくして、よりシステムの理解が容易な枯草菌を作成するプロジェクトを進めており、現在までに合計874kbの配列を削除して枯草菌の作成にも成功している[5]。興味深いことに、その結果、セルロース分解酵素の生産性が向上することも明らかになり、その原因の解明も試みている。こうした、枯草菌細胞のシステムの理解を目指す研究の現状を紹介する。

Reference

- [1] 小笠原直毅 (1999) 枯草菌全ゲノム配列決定と枯草菌研究の新たな展開. *蛋白質核酸酵素* 44, 1512-1517.
- [2] Kobayashi, K., *et al.* (2003) Essential *Bacillus subtilis* genes. *Proc Natl Acad Sci USA* 100, 4678-4683.
- [3] 小笠原直毅, 他 (2005) モデル細菌のシステムチックなゲノム機能研究. *蛋白質核酸酵素* 50, 2191-2197.
- [4] 大島拓, 他 (2006) タイリングチップを用いた細菌ゲノム機能研究の可能性. *細胞工学* 25, 1155-1160.
- [5] Ara, K., *et al.* (2007) *Bacillus minimum* genome factory: effective utilization of microbial genome information. *Biotechnol. Applied Biochem* 46, 169-178.