

O21-04 : ヨウ素酸化酵素loxAの系統的多様性と環境分布

城山 カンナ¹, 天知 誠吾¹, 飯野 隆夫², 大熊 盛也²

¹千葉大・院・園芸, ²理研BRC-JCM

ヨウ化物イオン(I⁻)から分子状ヨウ素(I₂)

への酸化は、放射性ヨウ素を含むヨウ素の循環において重要な反応である。我々はこれまでに、天然ガスかん水や海水からAlphaproteobacteria

綱に属する多数のヨウ素酸化細菌の分離に成功している。これらはRoseovarius toleransに近縁なグループAと、Kordiimonadales

目のグループBから構成される。グループBに属するQ-1株のドラフトゲノム解析や内部アミノ酸解析などから、ヨウ素酸化酵素は系統的に新規なマルチ銅オキシダーゼloxAと機能未知タンパクloxCの複合体であることが分かっている。

本研究ではloxAの系統的多様性と環境分布を明らかにすることを目的とした。まず、グループAに属するA-2株の生産するヨウ素酸化酵素をLC-MS/MS解析した結果、本菌株のヨウ素酸化酵素もloxAとloxCで構成されることが分かった。

次に、ゲノム中にioxAとioxCのホモログを有する土壌細菌Rhodanobacter denitrificans

J

C

M1

7642

を銅イオン

と共に培養すると、可

溶性画分にヨウ素酸化反応が確認された。こ

れはGammaproteobacteria

綱の細菌で初めて確認されたヨウ素酸化反応である。さらに、グループAとBに属する複数のヨウ素酸化細菌のloxAアミノ酸

配列を解析し、これら配列をもとにioxA

特異的プライマーを設計した。これを土壌や海水など各種環境試料に適用したところ、PCR増幅が確認された。現在これら推定ioxAの解析を進めている。

keywords: iodide oxidation, multicopper oxidase, Roseovarius,