

## 植物病原細菌 *Erwinia carotovora* の phage-tail-like バクテリオシン - 構造、遺伝子、ファージとの関連性 -

○金子淳、廣田衛彦、Nguyen AH、新美喜子、富田敏夫、神尾好是  
東北大院・農・応用微生物

【目的】植物軟腐病病原細菌 *Erwinia carotovora* は、マイトマイシンC などの添加や紫外線照射ファージ尾部状の構造を有するバクテリオシンである carotovoricin Er ( Ctv Er ) を産生する。Ctv Er は R 型ピオシンに類似した伸縮性のファージ尾部状の構造を有する。また、低分子量バクテロイシン産生能を併せ持ち、病原因子産生能を欠いた CGE234-M403 株は生物農薬として実用化されている。ファージ尾部状バクテリオシンはその抗菌スペクトルが厳密に規定されており、感受性菌の認識は尾部繊維の構造の違いによるものと考えられる。今回は Ctv 遺伝子領域の全塩基配列の解析を行った結果を中心に、Ctv のバクテリオファージとの関連性、並びに感受性菌の認識機構にかかわる因子について考察する。【方法・結果】マイトマイシンCにより *E. carotovora* Er 株から Ctv Er を誘発し、精製した Sheath タンパク質の N-末端アミノ酸配列情報から作製したプローブをもとに、Ctv Er の構造遺伝子配列を含む約 21 kbp の領域を得、その塩基配列を決定した。相同性検索並びに精製 Ctv Er タンパク質群の一次配列情報から、Ctv Er 遺伝子領域、約 16.5 kbp を同定した。Ctv Er 領域に存在する 19 の ORF のうち、ORF1 は大腸菌の溶菌酵素 Slt 70 と部分的に相同性を有し、溶菌酵素であることが示唆された。Ctv Er の構造タンパク質の遺伝子群は orf4 から 16 にコードされていた。tail-fiber 遺伝子 (orf16) の下流には DNA invertase 遺伝子が存在し、tail-fiber タンパク質の相変換が確認された。一方、CGE234-M403 株の産生する Ctv CGE の遺伝子群は Ctv Er とほぼ同じ構造を有していたが、tail-fiber の C-末端領域の配列が異なり、DNA invertase 遺伝子も存在しなかった。さらに、ノーザンブロット法、RT-PCR 法、プライマー伸長法により Ctv Er 群が 5 つの転写単位からなっていることを明らかにした。Ctv Er 遺伝子群の構造を他のファージの尾部領域と比較したところ、*Salmonella* の全ゲノム配列上のプロファージの尾部領域の ORF 群と高い相同性を示し、また、P2 並びに類縁のファージの尾部を構成する成分とも相同性を示した。Ctv Er の転写単位の配置は *Salmonella* のプロファージと同様であったが、P2 ファージの尾部領域遺伝子群とは逆になっていた。