

カロテノイドデータベース化学フィンガープリントを用いた
カロテノイド生合成パスウェイの再構築

Pathway reconstruction of carotenoid biosynthesis using Carotenoid DB Chemical Fingerprints

藪崎純子

研究成果概要

我々は独自に開発したカロテノイドデータベース化学フィンガープリントを用いて約 573 のカロテノイド第一次生産者生物種における 615 のカロテノイドのパスウェイの再構築を行なった。各生物種で再構築したそれぞれのパスウェイを全て繋げたところ、全体として生物はカロテノイドにおいて門のレベルで棲み分けを行なっていることがわかった。パスの浅い部分では下等なバクテリアや古細菌が、パスが進むにつれて高等な生物のカロテノイドが作られる事が分かってきた。バクテリアのフィルミクテス門は最も浅い部分に生息する。彼らは Farnesyl-PP から Prephytoene を経て Staphyloxanthin をはじめとする C30 のカロテノイドの木構造のパスウェイを作っている。次に紅色非硫黄細菌は Neurosporene から 19 の誘導体を作りながら主となるカロテノイド Spheroidenone を作っている。更に紅色硫黄細菌、非硫黄細菌や真菌類は Lycopene から 43 にもなる最も大きなカロテノイドの木構造のパスウェイを作って、Rhodopin、Rhodovibrin、Spirilloxanthin、R.g-Keto 類やその他の誘導体を作っている(図 1 参照)。

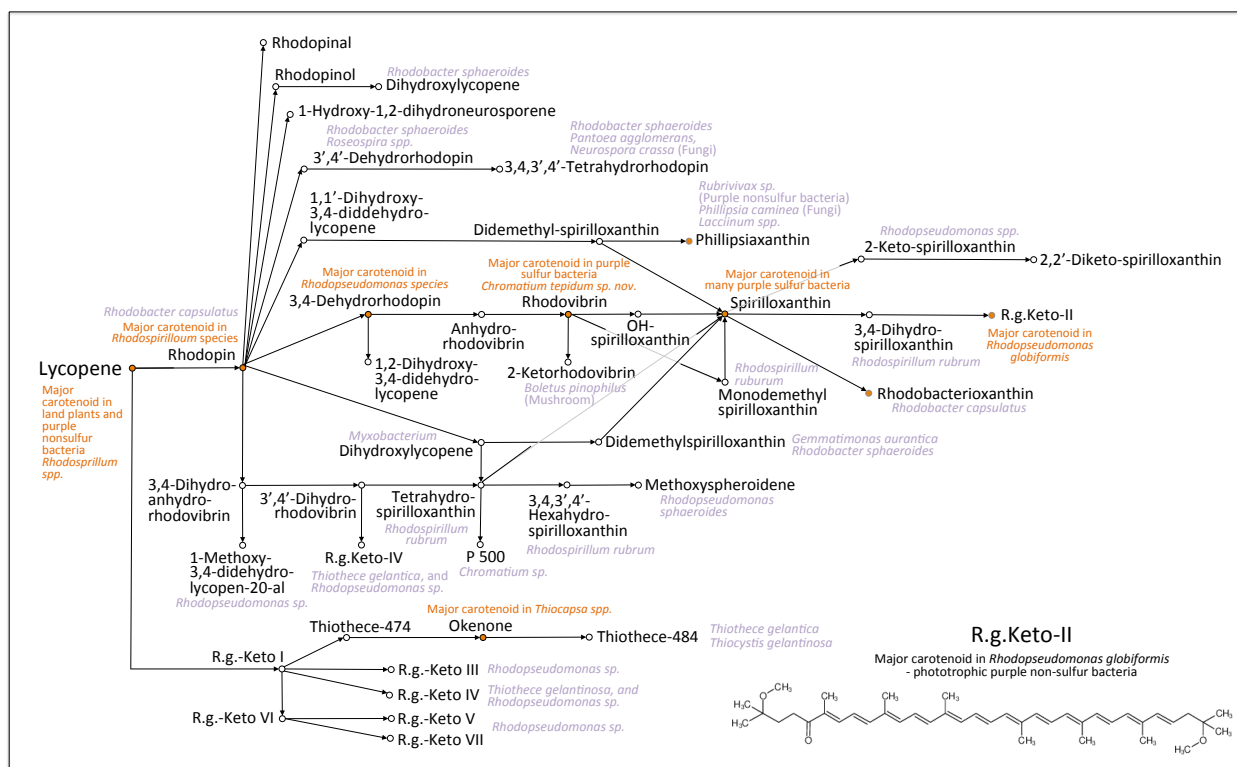


図 1 紅色細菌のパスウェイ再構築図

ユーリ古細菌門と放線菌はリコペンから C50 の Bacterioruberin へ至るパスウェイを作っている。また放線菌はリコペンから C50 の Sarcinaxanthin や Decaprenoxanthin へのパスを作っている。リコペンから片方にε環を持つδ-カロテン、片方にε環を持ち、片方にはβ環を持つα-カロテンを経て、緑藻類、果物、野菜の主要カロテノイドのルテインを作っている。またルテインからプラシノ藻類はメジャーカロテノイドの Prasinoxanthin、Micromonal、Uriolide、Siphonaxanthin を作っている。陸上植物は良く知られたアポカロテノイドのアブシジン酸やストリゴラクトンのような植物ホルモンやβ-シクロシトラールのようなシグナル伝達物質以外にも、Lycopene、β-Carotene、β-Cryptoxanthin、Zeaxanthin、Antheraxanthin、Violaxanthin、Neoxanthin から 100 以上の多くのアポカロテノイドを作って、シグナル物質やその他の高次の機能を活用していると考えられた。

再構築したパスウェイをパスウェイ解析した結果、頂点の数と全次数はべき乗則に従うことがわかった。また全次数と、そのカロテノイドを作る生物種の数とに相関が見られた(図2 参照)。結果、全次数の高いハブとなるカロテノイドを多くの生物種が溜め込んでいるということがわかってきた。ハブとなるカロテノイドは、右表にあるように Lycopene、β-Cryptoxanthin、β-Carotene、Zeaxanthin、γ-Carotene、Violaxanthin だった。これらは古くて重要なカロテノイドということになる。

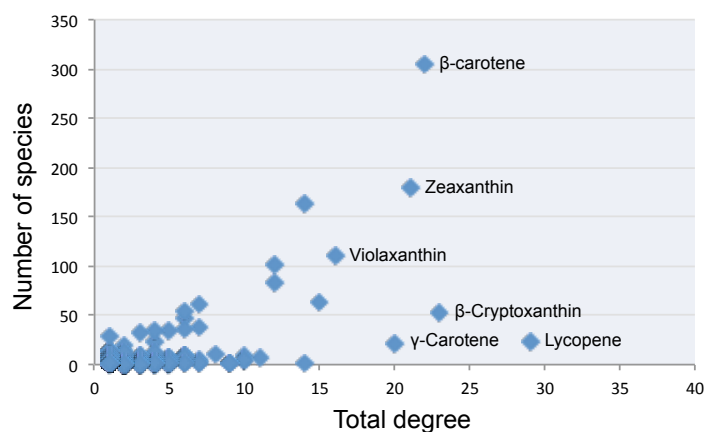


図2 カロテノイドの全次数と生物種数

表 ハブカロテノイドと次数

	Total-degree	In-degree	Out-degree
Lycopene	29	2	27
β-Cryptoxanthin	23	2	21
β-Carotene	22	1	21
Zeaxanthin	21	1	20
γ-Carotene	20	2	18
Violaxanthin	16	1	15