

ゲノム情報に隠された新奇微生物酵素遺伝子群の探索
Search for novel microbial enzyme genes hidden in genome information

立命館大学 立命館グローバル・イノベーション研究機構 井上 真男

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用したバイオインフォマティクス解析によって、微生物の新たな代謝遺伝子群の探索や分類を行い、これらの構造や機能を明らかにすることを目的とした。今年度の主な研究成果を以下に示す。

(1) 有機セレン化合物を代謝する新たな土壌細菌株の分離培養に成功、その完全長ゲノム配列を決定した。(2) 土壌細菌における有機セレン化合物代謝の鍵酵素について、X 線結晶構造解析と変異体酵素のキネティクス解析によって、基質特異性の構造基盤を明らかにした。(3) *Geobacter* 属細菌株について、元素状硫黄に対する網羅的な転写応答を RNA シーケンス解析によって明らかにした。(4) 硫黄還元細菌の元素状硫黄呼吸の鍵となるポリスルフィド還元酵素について、細菌ゲノムにおける分布と多様性について明らかにした。(5) グラム陰性細菌の細胞外電子伝達を司るポリン-シトクロム複合体について、細菌ゲノムにおける分布と多様性について明らかにした。(6) セレンタンパク質 SelD において、近縁種間のシステイン型への進化に伴いセレノシステイン挿入配列が二次構造を失うように素早く進化したこと、その突然変異がセレノシステイン型 SelD の翻訳に影響を与えることを示し、セレンタンパク質進化の一旦を解明した。(7) 2 種の酢酸菌に由来するグリオキシル酸還元酵素について、アミノ酸配列解析と X 線結晶構造解析、および変異体酵素のキネティクス解析によって、基質特異性と補酵素特異性の構造基盤を明らかにした。

発表論文(謝辞なし)

1. **Inoue, M.**, Aono, R., Ochi, A., Izu, Y., Majumder, T.R., Li, M., Mihara, H. SECIS element variability and its role in selenocysteine versus cysteine utilization in SelD enzymes. *Metallomics Res.* **4**:reg26–36 (2025)
2. Majumder, T.R., Yoshizawa, T., **Inoue, M.**, Aono, R., Matsumura, H., Mihara, H. Structural insights into the mechanism underlying the dual cofactor specificity of glyoxylate reductase from *Acetobacter aceti* in the β -hydroxyacid dehydrogenase family. *Biochim. Biophys. Acta Proteins Proteom.* **1873**:141051 (2025)
3. Majumder, T.R., **Inoue, M.**, Aono, R., Ochi, A., Mihara, H. Comparative studies on substrate specificity of succinic semialdehyde reductase from *Gluconobacter oxydans* and glyoxylate reductase from *Acetobacter aceti*. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **88**:1069–1072 (2024)