

琉球大学学術リポジトリ

ウミウシアクチンの多様性（続報）

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学21世紀COEプログラム 公開日: 2008-03-07 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 田中, 千晶, 川西, 祐一, 中島, 裕美子, 田中, 淳一, Tanaka, Chiaki, Kawanishi, Yuichi, Nakajima, Yumiko, Tanaka, Junichi メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/4957

ウミウシアクチンの多様性 (続報)
(Diversity of nudibranch actins)

田中千晶、川西祐一、中島裕美子、田中淳一

(Chiaki Tanaka, Yuichi Kawanishi, Yumiko Nakajima, and Junichi Tanaka)

COE、理工学研究科

サンゴ礁には多種多様の海洋生物が生息しており、それらの含有する二次代謝物質には多彩な活性や構造がある。中でもウミウシ類には警戒色を示すものや毒成分を含有する種類がいることが知られているが、ウミウシ自身の含有する毒に対する耐性メカニズムについては未解明である。そこで本研究では、昨年に引き続き Latrunculin A (Lat-A) を含有するウミウシとそのアクチンとの関係について検討を進めた。

Lat-A は数種類の海綿に含まれる毒成分で、細胞毒性を示すとともに、G-アクチンに結合して重合を阻害する。そこで、Lat-A を含有するウミウシ 3 種 *Chromodoris magnifica*、*C. lochi*、*C. annae* と、含有しない *C. willani*、*C. kuniei*、*C. coi* のアクチンの比較を行った。gDNA を基にアクチンの部分配列 (AA: 60-301) を Lat-A を含有する種類としない種類で比較すると、特異的なアミノ酸変異が数箇所見られることを報告した。また、これらの配列を用いて系統樹を作成したところ、毒の含有の有無によるグループを形成することが明らかとなり、この結果は 16S 系統解析の結果と似通っていた。

今回新たに、*C. magnifica*、*C. lochi* および *C. willani* の cDNA を基に、それぞれ二つのタイプのアクチンの全長を得た。これらの配列をウサギのアクチンと比較したところ、全てに共通して 16 箇所のアミノ酸変異が見られた。一つ目のタイプのアクチンでは、V219, C257, P258, I274, S368 の変異に加え、*C. magnifica* と *C. willani* では、R183 が H に変異していた。Lat-A と水素結合している 4 つのアミノ酸残基 (Y69, D157, T186, R210) には変異は見られないことから、H のイミダゾール環が Lat-A の結合を妨げている可能性が示唆される。一方、二つ目のタイプでは、T160, M176, T186, C217, A231, S232, I267, Y306, T318, A319 の変異が共通して見られた。このようなアクチンにおけるアミノ酸変異が、ウミウシの Lat-A 耐性獲得において重要な要素となっていることが推測される。現在、これらのアクチンが結晶構造で出されたウサギのものとのどのように異なるのか、共同研究者にシミュレーションを依頼している。