

## 生物種を越えた多様なコミュニケーションの形

奈須野恵理

自然環境中に棲息している細菌の中には、特定の低分子化合物をシグナル物質として分泌し、同種あるいは異種同士でコミュニケーションをとり、自らの生存を有利にしているものが存在する。シグナル物質濃度を指標に菌体密度依存的に病原性因子生産や生物発光などに関わる遺伝子の発現を制御するコミュニケーションの様式は、「quorum sensing (QS)」機構と呼ばれる。グラム陰性細菌ではホモセリンラクトン環にアシル鎖がアミド結合した *N*-acyl-l-homoserine lactone (AHL), グラム陽性細菌ではアミノ酸残基が10程度の自己誘導ペプチドがそれぞれ主なシグナル物質として利用されている。一方, autoinducer-2 (AI-2) と呼ばれるフラノシルホウ酸ジエステルなど, 両者に共通して利用されるシグナル物質も存在する。興味深いことに, メタン生成古細菌である *Methanosaeta harundinacea* 6Acも AHL を合成し, 菌体密度依存的に細胞形態を制御している<sup>1)</sup>。また, エンドウの芽の滲出液には複数の AHL 様化合物が含まれると考えられており, *Chromobacterium violaceum* に対しては QS 機構を阻害するにも関わらず, *Pseudomonas* 属細菌と *Serratia* 属細菌に対しては活性化するといった真逆の作用を及ぼす<sup>2)</sup>。これは, 植物が AHL を介して細菌とコミュニケーションをとり, 自身にとって有害な細菌と有益な細菌への対応を変えていることを意味している。このように, QS 機構は細菌コミュニティ内にとどまらず, シグナル物質を介した幅広い生物種間でのコミュニケーションに利用されているのである。

AHL を介した QS 機構では, AHL とそのレセプターが複合体を形成し, 制御対象遺伝子のプロモーターに作用し転写を活性化あるいは抑制する。AHL 合成酵素

(LuxI ファミリー) とレセプター (LuxR ファミリー) は, 一般的に同一細胞内で一組の遺伝子発現制御因子として働くことが知られている。しかし, QS 機構に関する知見が多い細菌の一つである緑膿菌において2組の LuxI/R ペア以外に, LuxI と対を成さない LuxR が単独で遺伝子発現制御に重要な役割を果たしていることが Fuqua の研究で明らかとなった<sup>3)</sup>。Hudaiberdiev らが NCBI データベースに登録されている細菌のゲノム配列を対象に *luxR* 遺伝子の存在を調べた結果, 3550 の *luxR* のうち 2698 が *luxI* と対になっていないことを報告している<sup>4)</sup>。この対になる LuxI を持たない LuxR は “LuxR solo” または “orphan LuxR” と呼ばれ, 上述したメタン生成古細菌や好熱性・好塩性古細菌ゲノム上にも LuxR solo が多数存在している<sup>5)</sup>。LuxR solo は役割に応じて3タイプに分類可能である (図1)。*luxI/R* 遺伝子がゲノム上に存在し内因性 AHL に応答するタイプは, 遺伝子発現制御の対象を拡張する役割を担っている。他の AHL 生産菌に由来する外因性 AHL が細胞内に取り込まれて初めて応答するタイプは, AHL 生産菌に対して攻撃を仕掛ける, あるいは自身の代謝を活性化させるスイッチとして働くと考えられている。LuxR としての特徴を有しているにも関わらず, AHL ではなく植物由来の化合物に応答するタイプも存在する。たとえば, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* の LuxR solo は, イネ由来の未知低分子化合物に応答し, 宿主に対する病原性の発現を制御している<sup>6)</sup>。さらに, AHL や他のシグナル物質の非存在下で遺伝子発現制御に関わる LuxR solo も報告されており, LuxR solo の役割には未知の部分も多く残されている。

QS 研究の歴史において, AHL を合成する1種類あるいは2, 3種類の微生物を培養し, 菌体密度の増加に伴って活性化される細胞代謝機能の解明と人為的な制御に科学者たちの興味が注がれてきた。今後は, LuxR solo を有する AHL 非生産性微生物の生物種間コミュニケーションに焦点を当てることで, それらも含めた生物コミュニティ全体の代謝制御技術の開発につながる重要な知見が得られると期待される。

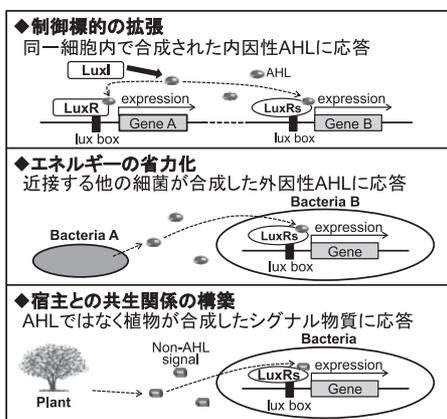


図1. LuxR solo のシグナル応答パターン

- 1) Zhang, G. et al.: *ISME J.*, **6**, 1336 (2012).
- 2) Teplitski, M. et al.: *Mol. Plant-Microbe Interact.*, **13**, 637 (2000).
- 3) Fuqua, C.: *J. Bacteriol.*, **188**, 3169 (2006).
- 4) Hudaiberdiev, S. et al.: *Front. Cell. Infect. Microbiol.*, **5**, 20 (2015).
- 5) Rajput, A. and Kumar, M.: *Front. Microbiol.*, **8**, 798 (2017).
- 6) Ferluga, S. et al.: *Mol. Plant Pathol.*, **8**, 529 (2007).