シンポジウム記録 真珠研究の最前線—真珠養殖技術の革新を目指して—

I-1. 真珠から始まる貝殻タンパク質研究

宮本裕史

近畿大学生物理工学部

I-1. Shell matrix protein research starting
from the pearl

HIROSHI MIYAMOTO

Faculty of Biology-oriented Science and Technology, Kinki
University, Kinokawa, Wakayama 649-6493, Japan

貝殻や真珠に存在する有機成分として「コンキオリン」という名称が使われて久しいが、1950年代以降、そのアミノ酸組成が分析され始めた。現在、遺伝子解析技術の更なる進展により、貝殻タンパク質をコードする遺伝子の網羅的な研究がいくつもの貝類を用いて進行している。「コンキオリン」は貝殻に含まれる「よくわからない不思議な物質」ではなくなり、特定の名称を与えられたタンパク質として枚挙され、そのレパートリーは日々更新されている。

貝殻タンパク質は単に貝殻に存在するというだけではなく、重要な役割を担っていることが示唆されている。貝殻の炭酸カルシウムには複数の結晶多形が存在し、貝殻タンパク質によって特定の結晶多形が誘導されることが示されている。我々の研究室においも、アコヤガイ貝殻真珠層から抽出したタンパク質存在下で誘導される炭酸カルシウム結晶が、アコヤガイ真珠層と同様に、アラゴナイト特異的FTIRピークを示すことを明らかにした。貝殻形成はタンパク質の制御を受けて進行するのであり、このことは貝殻が遺伝的に制御された構築物「バイオミネラル」であることを如実に表している。

Nacreinは真珠層に比較的多く存在するタンパク質として、一連の貝殻タンパク質研究の初期に単離され、予想される一次構造は炭酸脱水酵素としてのドメインとグ

リシンとアスパラギンからなるGN繰り返し配列からなる。¹⁾ また、外套膜で特異的に発現し、貝殻や真珠の形成に重要な役割を担っていると推察されている。シロチョウガイ、クロチョウガイからも *nacrein* 遺伝子は見つかっており、*Pinctada* 属3種において共通して炭酸脱水酵素内部にGN繰り返し配列が挿入されていた。また、GN繰り返し配列の長さには、上記3種間で違いが見られた。アコヤガイゲノム解析のデータによれば、GN繰り返し配列は単一のエクソンによりコードされている。²⁾ このことから、*nacrein* 遺伝子の特異な構造の進化のシナリオとしては、以下のような過程を推察する。*Pinctada* 属の共通祖先においてGN繰り返し配列に対応するエクソンがエクソンシャッフリングなどのメカニズムにより挿入され、その後、それぞれの種において繰り返しの長さに変更が生じた。*nacrein* 遺伝子は、腹足類であるヤコウガイにも存在することを確認しているが、*Pinctada* 属のものとはGN繰り返し配列のパターンに違いがみられ、またコドン使用頻度にも大きな違いがある。NacreinのGN繰り返し配列は、数種類のアミノ酸からなる低複雑性領域であり、このような領域は多くの貝殻タンパク質に共通して見いだすことができる。

文 献

- 1) Miyamoto H, Miyashita T, Okushima M, Nakano S, Morita T, Matsushiro A. A carbonic anhydrase from the nacreous layer in oyster pearls. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 1996; **93**: 9657-9660.
- 2) Miyamoto H, Endo H, Hashimoto N, Iimura K, Isowa Y, Kinoshita S, Kotaki T, Masaoka T, Miki T, Nakayama S, Nogawa C, Notozawa A, Ohmori F, Sarashina I, Suzuki M, Takagi R, Takahashi J, Takeuchi T, Yokoo N, Satoh N, Toyohara H, Miyashita T, Wada H, Samata T, Endo K, Nagasawa H, Asakawa S, Watabe S. The diversity of shell matrix proteins: genome-wide investigation of the pearl oyster, *Pinctada fucata*. *Zool. Sci.* 2013; **30**: 801-816.