発表番号 34

赤潮原因藻の増殖を抑制する鉄有機配位子の探索その抑制メカニズムの解明

牧 輝弥 金沢大学 自然科学研究科

【目的】赤潮は魚介類を大量に斃死させる深刻な社会問題であり,その水産養殖業への被害額 は億単位に登る。こうした赤潮の原因となる微細藻の増殖を抑える技術開発は早急の課題であ る。そこで,赤潮防除を目的に、赤潮原因藻の鉄取り込みを有機配位子で阻害し,微細藻の増 殖をコントロールする技術を提唱する。本研究では,赤潮原因藻が有機配位子によって鉄欠乏 に陥り、増殖が抑制されることを生理学実験で実証する。また、鉄制限下で誘導発現される遺 伝子群をディファレンシャル・ディスプレイ (DD) 法によって解析し、鉄欠乏下の微細藻の生 理状態を分子レベルで明らかにすることで、有機配位子の適切な使用法を講じる。

【方法】ハプト藻 Prymnesium sp.を、2,2'-Bipyridy、FerroZine、BPDS および DFB の4種の人工 有機配位子を添加した培地で培養し、生長量を経時的に測定した。DD 法には、鉄制限条件(鉄 濃度約0µM あるいは人工配位子の添加)および鉄存在条件(鉄濃度約1µM)で培養した藻細 胞を用いた。藻細胞から抽出した全 RNA を鋳型に cDNA を合成し, PCR に供した。PCR 産物 を低融点アガロースゲル電気泳動に供し,鉄制限条件下の培養に特異なバンドを精製した後、 クローニングを行い,複数クローンの塩基配列を決定し,遺伝子機能を推察した。

【結果と考察】*Prymnesium* sp.は、FerroZine および DFB によって増殖が顕著に阻害され、配位 子によって微細藻が鉄欠乏状態になったと考えられる。こうした三価の鉄と配位する配位子が 赤潮藻の増殖抑制に適していると見なせる。一方, DD 法では、鉄欠乏下で転写誘導される全 17 の遺伝子タイプが得られた(Table1)。その内、8 タイプが既知遺伝子配列と高い相同性を示 し、9 タイプが未知配列となった。既知配列のなかでも、特に、真核生物翻訳終結因子、エノ ラーゼ、熱ショック蛋白(HSP90family)のクローンが多く得られ、*Prymnesium* sp.は鉄欠乏へ のストレスに適応するためこれらの遺伝子を転写レベルで誘導発現したと推察される。また、

未知配列の遺伝子タイプは、鉄取込 みに直接関わる機能をコードしてい る可能性が高い。今後、有機配位子 を駆使することで、鉄制限条件を厳 密に設定し、DD 法によって鉄欠乏 に特異的に応答する遺伝子群のクロ ーン化を行い、微細藻の鉄欠乏状態 を探る遺伝子マーカーを確立して行 く。



24

助成番号 0424

赤潮原因藻の増殖を抑制する鉄有機配位子の探索とその抑制メカニズムの解明

牧 輝弥(金沢大学 自然科学研究科)

1. 研究目的

沿岸海域における工業排水及び生活排水の増加による富栄養化は、有害な微細藻の大量 増殖を促し、赤潮を引き起こす。赤潮は魚介類を大量に斃死させる深刻な社会問題であり、 その水産養殖業への被害額は億単位に登る。また、湾内の景観を損ね,悪臭の原因となる。 しかし、赤潮発生を防除する有効な技術はほとんどなく、あっても生態系を大きく乱した りやコストがかかるため、有効手段は皆無である。そこで、本研究では、鉄と廃位結合す る有機配位子によって赤潮原因藻の鉄取り込みを制御し、原因藻を鉄欠乏に導き、赤潮を 抑制する技術開発を試みる。

鉄は、生命体にとって必須元素であり、呼吸、光合成及び DNA 合成、窒素固定、ホル モン生成などその他多くの細胞機能において重要不可欠な役割を果たす⁽¹⁾。特に、鉄は光 合成におけるクロロフィル合成に使用されており、光合成生物は,非光合成生物に比べて 鉄要求性が高い。しかし、水圏中では、鉄は不溶態になるため、微細藻の鉄摂取は非常に 困難である。海洋の"高栄養素低クロロフィル"海域においては、低濃度の有機物質の錯 体形成によって生物が鉄を利用できない形態になっている^(2,3)。そこで,微細藻は不溶態の 鉄を取り込むため、鉄形質膜上に鉄キレート還元酵素を産出し、細胞外鉄(III)キレートを 鉄(II)へ還元し、鉄(II)を細胞膜内に取り込む^(4,5)。単細胞性緑藻^(6,7)や海洋珪藻でこの還 元取り込みが報告されている。一方、鉄(III)に特異的なシデロホアを細胞外へ産出し、鉄 と錯形成したシデロホアを細胞内に取り込む機構もある。シアノバクテリア^(8,9,10)および 真核微細藻の数種でシデロホアの産出が確認されている^(11,12)。そこで、これら鉄取込み機 構に競合する鉄錯生成定数を持つ人工有機配位子で環境中の鉄をとらえ、赤潮原因藻を鉄 欠乏に追い込めば、赤潮発生を抑圧できる。

本研究では、赤潮の抑制防除剤となる人工有機配位子を特定するため、有機配位子を用 いたバッチ培養により微細藻の鉄欠乏を実証する。また、鉄欠乏下の微細藻の培養を、デ ィファレンシャル・ディスプレイ法に供し、鉄欠乏下で発現する遺伝子群をスクリーニン グする。得られた遺伝子機能をもとに、微細藻が有機配位子によって鉄制限を受けること を確認すると伴に、鉄欠乏下での赤潮原因藻の生理機構を考察する。

- 2.研究方法
- 2.1 培養実験

赤潮藻として、ハプト藻Prymnesium sp.を実験対象生物として選択した。ハプト藻は、 増殖が早く、海洋において優占種となる微細藻種である⁽¹³⁾。Prymnesium sp.をf/2培地に接 種し、温度20°C、光強度110 μmol photon/m²/s、12時間明-12時間暗の培養条件下で維持培養 した。Prymnesium sp.を鉄制限する有機配位子として、2,2'-Bipyridy、FerroZine (3-(pyridyl)-5,6-diphenyl-1,2,4-triazine)、BPDS(bathophenanthroline disulphonate)、DFB (defferrioxamine B)の4種の人工有機配位子を実験供した。それぞれ有機配位子は鉄と錯形 成し、植物を鉄欠乏にすることが知られている。実験条件として、1 μMの鉄を含む培地に Prymnesium sp.を摂取した後、各有機配位子を1 μM、10 μMあるいは100 μMとなるように 添加し、維持培養と同様の培養条件下で培養した。2日ごとに550 nmの吸光度を測定し、 Prymnesium sp.の増殖量とした。また、1 μMの鉄を含む培地でPrymnesium sp.を8日間培養 した後、各有機配位子を1 μM、10 μMあるいは100 μMとなるよう加え、2日ごとに微細藻 の増殖量を測定した。

2.2 ディファレンシャル·ディスプレイ法

Prymnesium sp.を、FeCl 濃度 0 μM、0.05 μM あるいは 1 μM の f/2 培地、FeCl 濃度 0.05 μM の f/2 培地で 20 日間培養した。また、有機配位子による鉄欠乏培養を得るため、FeCl 濃度 1 μM の f/2 培地で 8 日間培養した後、100 μM の 2,2'-Bipyridy を添加し、20 日目まで培養 した。培養条件は維持培養と同様である。培養後、15 ml の *Prymnesium* sp.培養を 3,000 rpm、 15 分間の遠心に供し、微細藻細胞を回収した。微細藻の沈殿を、液体窒素を用いて凍結し た後、-80°C で冷凍保存した。

凍結保存した微細藻細胞から、セパゾール(Nakalai)を用いて total RNA を抽出した後、 オリゴプライマーによって cDNA を合成した。Suprec-02(サイズの小さい核酸をより分け るカラム;TAKARA)でプライマーを取り除き、ディファレンシャル・ディスプレイ用 Forward primer (Ap51、Ap53、Ap56)及び Reverse primer (T11a、T11c、T11g)を用いた PCR 増幅に供した。PCR 産物を、低融点 1.5%アガロースゲル電気泳動によって泳動し、鉄欠乏 下の培養で特異的に見られるバンドを切り出し精製した。精製した核酸を TA クローニン グに供し、得られたクローンの塩基配列を決定した。核酸塩基配列およびアミノ酸配列を DDBJ データベース上の既知配列と比較すること(BLASTA 及び FASTA 検索プログラム使 用)で、機能を解析した。

3.研究結果

3.1 培養実験

赤潮藻であるハプト藻 *Prymnesium* sp.を、4 種の有機配位子、2,2'-Bipyridy、FerroZine、 BPDS および DFB をそれぞれ 1 μM、10 μM あるいは 100 μM の濃度で加えた培地で培養し た。その結果、2,2'-Bipyridy および FerroZineでは、1 μM および 10 μM を添 加した場合、対象区と同様に生長量が増 大し、100 μM を添加した際、全く吸光度 が増えなかった(Fig. 1)。BPDS では、対 象区と同様の生長量の増加を示した。 DFB では、1 μM の添加で対象区よりも 増殖がおさえられ、10 μM あるいは 100 μM の添加では増殖が見られなかった。

一方、10日めに、各有機配位子を1μM、
10μMあるいは100μMの濃度で添加したところ、2,2'-Bipyridyを100μM添加した際、5日間で生長量が1/10まで減少した(Fig.2), DFBの10μMおよび100μM
添加区で、添加9日から17日にかけて生長量が1/10まで減った。



Fig.1 Growth of *Prymnesium* sp. in modified f/2 culture medium including 2,2'-Bipyridyl (a), FerroZine (b), BPDS (c), and DFB (d) at concentrations of 0 μ M (square), 1 μ M (circle), 10 μ M (triangle), and 100 μ M (diamond).



Fig.2 Growth of *Prymnesium* sp. in modified f/2 culture medium to which 2,2'-Bipyridyl (a), FerroZine (b), BPDS (c), and DFB (d) were adde d after 10 day incubation at concentrations of 0 μ M (square), 1 μ M (circle), 10 μ M (triangle), and 100 μ M (diamond). Arrows indicate the day when each chelate was added.

3.2 ディファレンシャル・ディスプレイ法

3.2.1 アガロース電気泳動

得られた RNA について cDNA 合成、更に、DD-PCR を行い、1.2-1.5%の低融点アガロ ースゲルでの電気泳動でバンドの確認を行った。プライマーT11a および T11g を組み合わ せて行った PCR において、PCR 産物が確認でき、プライマーT11c では増幅産物が得られ なかった (Fig.3)。プライマーT11a と AP51 あるいは AP53 の組み合わせたでは、鉄欠乏下 で特有のバンドはそれぞれ4本および3本確認できた。いずれのバンドも、500 bp から 1,500 bp の間であった。なお、プライマーT11g と Ap56 の組み合わせでは、はっきりとしたバン ドの違いは確認できなかった。結果、鉄欠乏下に特有の全 19 本のうち 14 本のバンドを切 り出し、精製した後、TA クローニングに供した。

また、キレートを添加した培養では、T11a と AP53 あるいは AP56 を組み合わせた際、 特定のバンドが各1本ずつ得られ、これらのバンドは鉄濃度0 μM の培地での培養でも観 察された。



Fig. 3 Nucleotide patterns of PCR products using each differential display primer T11a, T11c, or T11g, combined to each primer AP51, AP53, or AP56. The algal culture in f/2 culture medium including iron at the concentrations of 0 μ M (lanes 1), 0.05 μ M (lanes 2) and 1 μ M (lanes 3) and the algal culture to which chelate was added at 10 day incubation (lanes 4) were used.. The first and last lanes represent a molecular weight 100 bp marker (TOYOBO).

3.2.2 核酸塩基配列の解析

精製した PCR 産物を組み込んだクローンの塩基配列を決定したところ、全 83 クローンの核酸塩基配列が得られた。クローン間で、塩基配列を比較し相同性を解析したところ、 17 の遺伝子タイプに分類された(Table.1)。なお、クローン間で 98.0%以上の高い相同性

	IIIa									IIIg			-	
Types	AP51		AP53		AP56			AP51				AP53	_	
	3	4	2	3	1	2	4	0	1	2	3	1+2	hypothetical function	total
a	2	2								6			Eucaryotic release factor	10
b	3												40S ribosome protein	3
c			6	2									unknown	8
d	1	1											unknown	2
e					5	6		4					unknown	15
f	1	2	1	8								1	unknown	13
g				1					5				Enolase	6
h									3				Enolase	3
I									1				unknown	1
j										1			unknown	1
k										1			unknown	1
1							2				9		unknown	11
m			1										unknown	1
n												1	unknown	1
0												1	Aspartic protease	1
р							5						Heat shock protein (HSP90 family)) 5
q							1						NADH dehydrogenase	1
total	7	5	8	11	5	6	8	4	9	8	9	3		83
														(clones)

Table 1. Genetic types of clones of PCR products in each bands on agarose gel, and hypothetical functions of each genetic type.

を示すクローンを同遺伝子タイプとした。各バンドごとでは、T11a-AP51-3 で 4 タイプ (a,b,d,f)、T11a-AP51-4 で 3 タイプ(a,d,f)、T11a-AP53-2 で 3 タイプ(c,f,m)、T11a-AP53-3 で 3 タイプ(c,f,g)、T11a-AP56-1 で 1 タイプ(e)、T11a-AP56-2 で 1 タイプ(e)、T11a-AP56-4 で 3 タイプ(l,p,q)、T11g-AP51-0 で 1 タイプ(e)、T11g-AP51-1 で 3 タイプ(g,h,i)、T11g-AP51-2 で 3 タイプ(a,j,k)、T11g-AP51-3 で 1 タイプ(l)、T11g-AP53-1+2 で 3 タイプ(f,m,o)の遺伝子タ イプが検出された。各バンドには複数の遺伝子タイプが含まれ、アガロースゲル上の一つ のバンドが複数の各酸配列で構成されていることが示された。また、各バンドに共通した 遺伝子タイプも見られ、バンドにまたがって複数の遺伝子タイプが存在することも示唆さ れた。

次に、PCR 産物クローンの核酸 塩基配列およびアミノ酸配列をも とに、Blasta と Fasta によって既知 配列との相同性検索を行った。そ の結果、全17遺伝子タイプのうち、 7 遺伝子タイプが既知の遺伝子配 列と高い相同性を示し、10遺伝子 タイプが未知の配列となった (Table.1)。特に、クローン数が多 く得られた遺伝子タイプでは、タ イプaが真核生物翻訳終結因子と、 タイプgとhがエノラーゼと、タ イプ p が 熱 ショック 蛋白 (HSP90family)とアミノ酸配列に 対して高い保存性を示した。また、 近隣結合法によって系統樹を作製 した結果、いずれも微細藻と近縁 となり、微細藻特有の配列である ことが実証された (Fig. 4)。

一方、クローン数が少ないものの、タイプbが40Sリボソーム蛋白質と、タイプoがアスパラギン酸プロテアーゼと、タイプqがNADH脱水素酵素と高い相同性を示した。



Fig. 4 Phylogenetic tree for amino aside sequence of the eucaryotic release factor, the enolase, and the heat shock protein of *Prymnesium* sp. The tree was calculated from a dissimilarity matrix of ca.125 bp, 83 bp and 152 bp alignment, respectively, using a neighbor-joining algorithm. Bootstrap values larger than 50 % (after 1000 resampling) are indicated on the branch.

4.考察

培地に人工配位子を初日に添加した際、*Prymnesium* sp.の増殖は、2,2'-Bipyridy、FerroZine および DFB によって著しく阻害されることが明かとなった。特に、DFB は低濃度でも増 殖抑制効果が期待できる。一方、*Prymnesium* sp.の 10 日目の培養に 2,2'-Bipyridy および DFB を加えた結果、2,2'-Bipyridyでは添加直後に増殖阻害がみられ、DFBでは添加10日後に生 長量が減少した。2,2'-Bipyridy⁽¹⁴⁾およびDFB^(15,16)は、いずれも鉄と錯形成し、植物および 微細藻を鉄欠乏状態にすることが報告されている。従って、赤潮藻である*Prymnesium* sp. も鉄欠乏に陥り、成長が阻害されたと考えられる。しかも、2,2'-Bipyridyの効力には速効 性があり、DFBは低濃度でも効力を発揮する傾向があった。一方、FerroZine および BPDS を*Prymnesium* sp.の培養10日目に添加しても、生長量に変化が見られなかった。FerroZine ⁽¹⁷⁾および BPDS⁽¹⁸⁾は二価鉄と主に結合しやすいため、微細藻が三価鉄を細胞数を維持した と推察できる。*Prymnesium* sp.は、シデロホアを産出し、錯体となった三価鉄を取り込んだ と見なせる。あるいは、膜上のキレート還元酵素によって、膜周辺で三価鉄を二価鉄に還 元し、速やかに細胞内に取り込んだ可能性もある。赤潮原因藻を鉄制限するには、 2,2'-Bipyridy および DFB 等の三価鉄と錯体を形成する配位子が適当であると考えられる。

ディファレンシャル・ディスプレイ法に Prymnesium sp.の培養を供した結果、真核生物 翻訳終結因子、エノラーゼ、熱ショック蛋白(HSP90family)、40S リボソーム蛋白質、ア スパラギン酸プロテアーゼおよび NADH 脱水素酵素と高い相同性を示す核酸配列が、鉄欠 乏培養の PCR 産物から特異的に検出された。特に、真核生物翻訳終結因子、エノラーゼお よび熱ショック蛋白(HSP90family)の配列で、クローン数が多く、系統樹上で微細藻と近 縁となった。真核生物翻訳終結因子および熱ショック蛋白のアミノ酸配列のデータベース が充実しており⁽¹⁹⁾、Prymnesium sp.のアミノ酸配列はモチーフを高く保存していた。エノ ラーゼの配列にはハプト藻に特異的な配列の挿入が見られた^(20, 21)。従って、Prymnesium sp. の真核生物翻訳終結因子、エノラーゼおよび熱ショック蛋白が核酸配列として得られたこ とは確かである。

得られた機能遺伝子は、鉄欠乏下において転写誘導され、鉄欠乏下の藻細胞で何らかの 役割を担うと考えられる。真核生物翻訳終結因子および 40S リボソーム蛋白質は、mRNA から蛋白質を翻訳する際に機能する。特に 40S リボソーム蛋白質は、翻訳の促進に従い遺 伝子が転写誘導されることが報告されている^(22,23)。また、熱ショック蛋白(HSP90family) は、変性した蛋白質構造を修復する。アスパラギン酸プロテアーゼは、変性した不要な蛋 白質を分解除去する働きをもつ。鉄欠乏下では、微細藻は環境ストレスを受け、多くの機 能性蛋白質が損傷する。そのため、蛋白質の生合成を促進すると伴に、変性蛋白質を修復 し、除去する必要がある。そこで、上記の蛋白質群の遺伝子が転写誘導され、鉄欠乏スト レスに適応していると推察できる。一方、エノラーゼは、解糖系に関わる酵素であり、ホ スホグリセリン酸をホスホエンオールピルビン酸へと変換し、ATP の生産を促す。生物は 鉄が欠乏すると、ヘム蛋白質の生成が滞り、酸素呼吸によるエネルギー供給が低下する⁽¹⁾。 微細藻においても酸素呼吸が停止し、無酸素呼吸である解糖系でエネルギーを補うことと なり、解糖系酵素であるエノラーゼが転写レベルで誘導発現されたと考えられる。鉄欠乏 下にある Arabidopsis の誘導遺伝子を DNA マイクロアレイで解析した結果、全遺伝子の 1/3 の遺伝子が誘導されることが報告されている⁽²⁴⁾。今回得られた遺伝子群も、Arabidopsis で転写誘導されており、鉄が不足したことが間接的に転写を誘導したと見なせる。ただし、 全遺伝子タイプの内、9 タイプは未知遺伝子であったため、これらの未知遺伝子は、鉄取 込みに直接関わる機能をコードしているかも知れない。また、有機配位子を添加した培養 で誘導された遺伝子タイプ c, e, f および m は、未知遺伝子であり、鉄欠乏で特異的に転写 誘導され、鉄取込み自体に関わる遺伝子群である可能性が高い。

本研究では、Prymnesium sp.を人工有機配位子によって増殖を抑制することができた。 こうした有機配位子は、赤潮原因藻の増殖制御に役立てられるであろう。また、ディファ レンシャル・ディスプレイ法に供したところ、鉄欠乏下で誘導される遺伝子群のクローニ ングに成功した。得られた既知遺伝子は、環境ストレスに応答する遺伝子群であった。従 って、微細藻は、鉄不足によりストレスを受け、転写レベルで遺伝子を誘導発現させ、ス トレスによって被る損傷を修復していると結論付けられる。

5.今後の課題

各遺伝子タイプが、鉄欠乏に応答して転写誘導されることをノーザンブロッティングで 検証する。この際、リンや窒素等の栄養塩が不足した培養を、鉄欠乏の培養と比較するこ とで、未知遺伝子タイプの鉄欠乏に対する特異性も確認する。ディファレンシャル・ディ スプレイ法の技術改善として、アクリルアミドゲルを使用し、1バンドから1遺伝子タイプ が得られるように、ゲル上での核酸分離能を上げる。

今後は、鉄欠乏に高い特異性を示す遺伝子群をクローン化し、赤潮を有機配位子で防除 する際、鉄欠乏を示すマーカーとして使用する予定である。マーカー遺伝子としては、鉄 欠乏で特異的に転写誘導される転写因子、鉄キレート還元酵素や鉄トランスポーターの遺 伝子が有効である。植物では、鉄欠乏下に移行して1時間程度で転写誘導が開始されるこ とが分かっている⁽²⁵⁾。したがって、有機配位子を添加した直後の培養をディファレンシャ ル・ディスプレイ法に供すべきである。

普遍化された取込み機構に基づき、赤潮の原因種のみを鉄欠乏させる有機配位子を選択 する。微細藻は種や生息場所が異なれば、鉄取込み機構も多様になると報告されている⁽²⁶⁾。 そこで、赤潮藻の種を変えて、ディファレンシャル・ディスプレイ法を施行し、鉄欠乏下 で転写誘導される遺伝子ライブラリーを構築することで、鉄取り込み機構の種特異性を解 明して行く。

参考文献

- 1) J.A. Raven, Prediction of Fe and Mn use efficiencies of phototrophic growth as a function of light availability for growth and C assimilation pathway. New Phytologist, 116 (1990) 1-17.
- 2) J. Wu, E. Boyle, W. Sunda, and L.S. Wen, Soluble and colloidal iron in the oligotrophic North Atlantic and North Pacific. Science, 293 (2001) 847-849.

- 3) M. Boye, C.M.G. van den Berg, J.T.M. de Jong, H. Leach, P. Croot, and H.J.W. de Baar, Organic complexation of iron in the Southern Ocean. Deep Sea Res. Part I: Oceanographic Research Papers, 48 (2001) 1477-1497.
- 4) C. Curie, and J.F. Briat, Iron transport and signaling in plants. Annu. Rev. Plant Biol., 54, (2003) 183-206.
- 5) W. Schmidt, Iron solutions: acquisition strategies and signaling pathways in plants. Trends Plant Sci., 8, (2003) 188-193.
- 6) H.G. Weger, Ferric and cupric reductase activities in the green alga Chlamydomonas reinhardtii: experiments using iron-limited chemostats. Planta, 207 (1999) 377-384.
- 7)J.A. Lynnes, T.L.M. Derzaph, and H.G. Weger, Iron limitation results in induction of ferricyanide reductase and ferric chelate reductase activities in Chlamydomonas reinhardtii. Planta, 204 (1998) 360-365.
- 8) S.W. Wilhelm, and C.G. Trick, Iron-limited growth of cyanobacteria: multiple siderophore production is a common response. Limnol. Oceanogr., 39 (1994) 19779-7984.
- 9)C.G. Trick, S.W. Wilhelm, and C.M. Brown, Alterations in cell pigmentation, protein expression, and photosynthetic capacity of the cyanobacterium Oscillatoria tenuis grown under low iron conditions. Can. J. Microbiol., 41 (1995) 1117-1123.
- 10) H. Hasegawa, T. Maki, K. Asano, K. Ueda, and K. Ueda, Detection of iron(III)-binding ligands originating from marine phytoplankton using cathodic stripping voltammetry. Anal. Sci., 20 (2004) 89-93.
- 11) G.C. Trick, R.J. Andersen, N.M. Price, A. Gillam, and P.J. Harrison, Examination of hydroxamate-siderophore production by neritic eukaryotic marine phytoplankton. Mar. Biol., 75 (1983) 9-17.
- 12) K.M. Benderliev, and N.I. Ivanova, High-affinity siderophore-mediated iron-transport system in the green alga Scenedesmus incrassatulus. Planta, 193 (1994) 163-166.
- 13) K.H. Coale, X. Wang, S.J. Tanner, and K.S. Johnson, Phytoplankton growth and biological response to iron and zinc addition in the Ross Sea and Antarctic Circumpolar Current along 170W. Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography, 50 (2003) 635-653.
- 14) G.A. Vert, J.F. Briat, and C. Curie, Dual regulation of the Arabidopsis high-affinity root iron uptake system by local and long-distance signals. Plant Physiol., 132 (2003) 796-804.
- 15) M.L. Eldridge, C.G. Trick, M.B. Alm, G.R. DiTullio, E.L. Rue, K.W. Bruland, D.A. Hutchins, and S.W. Wilhelm, Phytoplankton community response to a manipulation of bioavailable iron in HNLC waters of the subtropical Pacific Ocean, Aquat. Microb. Ecol., 35 (2004) 79-91.
- 16) M.L. Wells, and C.G. Trick, Controlling iron availability to phytoplankton in iron-replete coastal waters. Marine Chem., 86 (2004) 1-13.
- 17) D. Eide, M. Broderius, J. Fett, and M.L. Guerinot, A novel iron-regulated metal transporter from plants identified by functional expression in yeast. Proc. Natl. Acad. Sci. U S A., 93 (1996) 5624-5628.
- 18) H.G. Weger, J.K. Middlemiss, and C.D. Petterson, Ferric chelate reductase activity as affected by the iron-limited growth rate in four species of unicellular green algae (chlorophyta). J. Phycol., 38 (2002) 513-519.
- 19) Y. Inagaki, C. Blouin, W.F. Doolittle, and A.J. Roger, Convergence and constraint in eukaryotic release factor 1 (eRF1) domain 1: the evolution of stop codon specificity. Nucleic Acids Res., 30 (2002) 532-544.
- 20) P.J. Keeling, and J.D. Palmer, Lateral transfer at the gene and subgenic levels in the evolution

of eukaryotic enolase. Proc Natl Acad Sci U S A., 98 (2001) 10745-10750.

- 21) J.T. Harper, and P.J. Keeling, Lateral gene transfer and the complex distribution of insertions in eukaryotic enolase. Gene, 340 (2004) 227-235.
- 22) A. Karsi, A. Patterson, J. Feng, and Z. Liu, Translational machinery of channel catfish: I. A transcriptomic approach to the analysis of 32 40S ribosomal protein genes and their expression. Gen, 291 (2002) 177-186.
- 23) R. Shemer, I. Eibschitz, and B. Cavari, Isolation and characterization of medaka ribosomal protein S3a (fte-1) cDNA and gene. Gene, 250 (2000) 209-217.
- 24) O. Thimm, B. Essigmann, S. Kloska, T. Altmann, and T.J. Buckhout, Response of Arabidopsis to iron deficiency stress as revealed by microarray analysis. Plant Physiol., 127 (2001) 1030-1043.
- 25) Y.H. Wang, D.F. Garvin, and L.V. Kochian, Rapid induction of regulatory and transporter genes in response to phosphorus, potassium, and iron deficiencies in tomato roots. Evidence for cross talk and root/rhizosphere-mediated signals. Plant Physiol., 130 (2002) 1361-1370.
- 26) R.F. Strzepek, and P.J. Harrison, Photosynthetic architecture differs in coastal and oceanic diatoms. Nature, 431 (2004) 689-692.

Organic ligands regulating growth of microalgae and the regulation mechanisms

Teruya Maki

Kanazawa university, Graduate School of Natural Science and Technology

Summary

(Introduction) The growth of harmful microalgae causes red tides in Japanese embayments, and has given severe damage to both natural and cultured fish and shellfish. Fishery society requires powerful strategies reducing the occurrences of red tide. The lignads limiting the iron uptake of microalgae and reducing the algal growth were useful tool for regulating the microalgal biomass. In this study, the four organic ligands were evaluated for preventing the microalgae from uptaking iron and growing under iron limitation. Furthermore, for the molecular mechanism of microalgal cells adapting to iron deficiency, the functional genes induced the transcription by iron deficiency were cloned using differential display analysis.

(Materials and Methods) *Prymnesium* sp. causing red tide was incubated in modified f/2 medium including 2,2'-Bipyridy, FerroZine, BPDS (bathophenanthroline disulphonate), or DFB (defferrioxamine B). After incubation, the growth yields were determined using absorbance of 550 nm at every two days. The algal culture in f/2 culture medium including iron at the concentrations of 0 μ M, 0.05 μ M and 1 μ M and the algal culture to which chelate was added at 7 day incubation were used for differential display analysis. Total RNA was obtained from each culture, and cDNA was synthesized from total RNA. The PCR products of cDNA were observed using the agarose gel electrophoresis. The specific bands to iron limited culture were purified and cloned. Nucleotide sequences of the clones were determined and investigated using FAST research on genbank database.

(**Results and Discussion**) The two ligands, 2,2'-Bipyridy and DFB, inhibited the growth of *Prymnesium* sp., while the other two ligands, FerroZine and BPDS, showed no effects on the algal growth. The 2,2'-Bipyridy and DFB which bind Fe (III) would prevent *Prymnesium* sp from uptaking iron and lead to iron deficiency. At the differential display analysis, 17 specific bands to iron limited culture appeared on the agarose gel, and nucleotide sequences of 83 clones of the specific bands were determined. The 83 clones were classified into 17 genetic types, of which 8 types similar to the known functional genes and 9 types indicated unknown sequences. Especially, the 3 types of the known functional genes, such as eucaryotic release factor, enolase, and heat shock protein, occupied 24 clones of all 83 clones, suggesting that the algal cells under the stress of iron deficiency induce to transcript these functional genes to adapt the environmental stress.