

Title	大腸菌recA遺伝子の変異とその遺伝子内抑制変異の解析から予想されるrecAタンパク質の構造と機能部位
Author(s)	川島, 和
Citation	大阪大学, 1985, 博士論文
Version Type	
URL	https://hdl.handle.net/11094/34625
rights	
Note	著者からインターネット公開の許諾が得られていないため、論文の要旨のみを公開しています。全文のご利用をご希望の場合は、 ＜a href="https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed">https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed >大阪大学の博士論文についてをご参照ください。

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

【5】

氏名・（本籍）	かわ 川	しま 島	ひとし 和
学位の種類	理	学	博 士
学位記番号	第	6 7 7 2	号
学位授与の日付	昭 和 60 年 3 月 25 日		
学位授与の要件	理学研究科 生物化学専攻 学位規則第 5 条第 1 項該当		
学位論文題目	大腸菌 recA 遺伝子の変異とその遺伝子内抑制変異の解析から予想される recA タンパク質の構造と機能部位		
論文審査委員	(主査) 教 授 小川 英行		
	(副査) 教 授 倉橋 潔 教 授 濱口 浩三 講 師 小川 智子		

論 文 内 容 の 要 旨

大腸菌 recA 遺伝子の既存の変異と新たに単離した変異を合わせ、14 種の変異の変異部位をその塩基配列を調べて決定した。この中で recA の機能を完全に欠く変異から再び活性をとり戻すようになった変異（遺伝子内抑制変異）を 7 種単離し、その変異部位を決めた。最初の変異とその抑制変異の間にはなんらかの相互作用があると考えられるので、変異部位を位置ずけていくことによって recA タンパク質の立体構造を予想した。さらに変異株の性質、並びに変異タンパク質の性質と変異部位の対応づけから recA タンパク質の機能部位を推定した。recA タンパク質の 27 番目から 38 番目の領域は 100 番目および 119 番目から 122 番目の領域と相互作用し、この領域は 160 番目から 176 番目の領域と相互作用する。この領域はさらに 60 番目から 61 番目の領域と相互作用することから recA タンパク質の N 末端側半分は複雑に折りたたまれて ATP と単鎖 DNA への直接の結合に関与していることが予想される。これに対して C 末端側半分は recA タンパク質間および前半のドメインとの相互作用を通して recA タンパク質の活性を調節している部分と考えられる。この方法はタンパク質の一次構造から高次構造を組み立てていく際の新しい手法として有用と考えられる。

論 文 の 審 査 結 果 の 要 旨

大腸菌の recA 遺伝子は遺伝的組換えに関与すると同時に DNA 障害に応答する SOS 機能の誘発に中心的役割を果たしている。精製された recA タンパク質は、DNA 結合能、ATPase 活性、D ループ形成、プ

ロテアーゼ活性等を持つが、1本のポリヌクレオチドからなる分子量38,000のタンパク質でこれらの機能をどのようにして発揮しているかは大変興味をもたれている。

川島君は、このrecAタンパク質の構造と機能部位について分子遺伝学的手法を用いて明らかにしようとした。まず、性質の良く調べられているrecA遺伝子変異の塩基配列を調べ、その変異部位を決めることにより、その部位がどの機能に関連しているかを推定した。次にさらに新しく10個の変異をとって、その変異部位を決め、その変異の遺伝的性質と関連させてその推定をより確かなものにした。さらにそれらの変異から抑制変異を多数分離する方法を確立し、その抑制変異の位置も決定した。この抑制変異の研究によって、相互に関連のある部位が判明し、立体構造を構築する際の貴重な基礎データがえられた。

このような新しい手法によって、recAタンパク質のN末端側が単鎖DNAとATPに結合する大きなドメインをなしていることを推定した。

このような推定は最近の生化学的手法による研究によって確かなものになってきつつある。

川島君の確立した方法は、タンパク質分子内の相互関連部位を非常に迅速に明らかにすることができることから、従来おこなわれてきたX線回折、化学修飾、NMR等の物理化学的手法に加えて、タンパク質の立体構造を推定する有力な手法になると考えられ、理学博士の学位論文として十分価値のあるものと認める。