

Title	酵母 <i>S. cerevisiae</i> における減数分裂期組換えの遺伝的解析 : 組換え欠損株の分離とその解析
Author(s)	味村, 正博
Citation	
Issue Date	
Text Version	none
URL	<a href="http://hdl.handle.net/11094/35952">http://hdl.handle.net/11094/35952</a>
DOI	
rights	
Note	

*Osaka University Knowledge Archive : OUKA*

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

## 【1】

氏名・(本籍)	あじ 味	むら 村	まさ 正	ひろ 博
学位の種類	理	学	博	士
学位記番号	第	8049	号	
学位授与の日付	昭和63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	酵母 <i>S.cerevisiae</i> における減数分裂期組換えの遺伝的解析； 組換え欠損株の分離とその解析			
論文審査委員	(主査)			
	教授	小川	英行	
	(副査)			
	教授	松代	愛三	教授 松原 央

## 論文内容の要旨

減数分裂期での組換えは、真核生物において進化の原動力となってきた。遺伝的組換えの基本的な機構は、原核生物を用いて分子レベルで多くのことが解明されてきたが、減数分裂期の組換えには、染色体の対合・シナプトネマ複合体形成など原核生物ではみられない機構が存在しているのでその解明には大変興味もたれている。私は減数分裂期組換えの機構、および、その遺伝的制御を明らかにする目的で、分子遺伝学的手法の充分確立している酵母*S.cerevisiae*を用いて、先ず、減数分裂期での組換え欠損株の分離を行った。

変異株の分離を容易にするために、部分的に二倍体であり、減数分裂期組換えを行うことのできる半数体株を用いた。この株を突然変異誘発剤で処理した後、減数分裂期に入らせ、その後、一対だけ持つ相同染色体上での組換えを調べることによって、直接、組換え欠損株の分離を行った。その結果、12,800株のうち115株のものが、組換えを行えない変異株として分離できた。

このような変異株のなかには、組換えが誘発されるために必要な前駆過程に欠損を持つものも多数あるため、変異株を二倍体にした後、減数分裂全過程（premeiotic DNA合成、染色体の凝縮、組換え、胞子形成、半数体化）を調べ、実際に組換えの過程に欠損が生じていると思われる27の変異株を同定した。

このような減数分裂期組換え欠損株は、相補性試験の結果、少なくとも10以上の相補性群から成り、また、その表現型より次のように分類される。

- (1) 減数分裂期に特異的で、有糸分裂期では表現型が野性型と変わらないもの
- (2) 有糸分裂期においても、DNA修復や組換えに欠損を示すもの

後者は、既存の組換え修復系変異（rad 52グループ）以外に、今までに知られていなかったDNA修復欠損株もあることが分かった。

また、これらの減数分裂期組換え欠損株は、形態学的に孢子形成は行うことができて、すべて、減数分裂期の最終産物である生存可能な半数体は作ることができず、組換えが減数分裂過程にとって必須であることが分かった。

### 論文の審査結果の要旨

遺伝的組換えはあらゆる生物に普遍的な遺伝現象である。その分子機構については、細菌やそれに感染するバクテリオファージで明らかにされたもので、真核生物に於ける減数分裂期の組換えについては全く明らかにされていない。

味村君は真核生物の減数分裂期の遺伝的組換えの分子機構を明らかにするその第1段階として、それに関与する遺伝子をすべて網羅する目的で、組換え欠損株の分離を多量に行った。先ず変異株を効率良く分離するために第3染色体のみが倍加している2染色体的1倍体を用い、1倍体でありながら減数分裂に入れる株を用いた。これは非常に巧妙な工夫でこの研究を成功させる鍵となるものである。この株を変異誘発剤で処理して、12,800株を調べて組換えの出来ない株を248株選択した。これらの株の中には減数分裂過程の他のステップに関与して、見掛上組換え欠損の表現型を示しているものもあるので、減数分裂期のDNA合成の有無や孢子形成能の有無を調べて結局純粹に組換え欠損であるものとして27株が残った。これらの株は有糸分裂期で示す性質から (1) 有糸分裂期でも組換え欠損でかつDNA修復欠損のグループ (2) 有糸分裂期の組換えは正常でDNA修復が欠損のグループ (3) 有糸分裂期は組換えもDNA修復も正常であるグループの3グループに分類された。

(1)はすでに知られているRAD50グループと同一であったが、(2)および(3)は全く新しいものであった。これらの変異の詳細は遺伝学的解析から、それぞれの変異は皆単一遺伝子の変異によること、また遺伝子内相補を示すグループがあることが明らかにされた。この研究は今まで全く未開拓であった分野の遺伝学的背景を明らかにしたもので、分子遺伝学的研究が容易に行なえる確固たる基礎を作った。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。