Osaka University Knowledge Archive

Title	ハロバクテリアATP合成酵素の酵素化学的／進化学的位置
Author(s)	井原, 邦夫
Citation	大阪大学, 1990, 博士論文
Version Type	
URL	https://hdl.handle.net/11094/37058
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、大阪大学の博士論文についてをご参照ください。

Osaka University Knowledge Archive : OUKA

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

Osaka University

【3】

氏名・(本籍)	井原邦夫（いはらくにお）
学位の種類	理学博士
学位記番号	第 9040 号
学位授与の日付	平成2年3月24日
学位授与の要件	理学研究科生理学専攻 学位規則第5条第1項該当
学位論文題目	**ハロバクテリアＡＴＰ合成酵素の酵素化学的／進化学的位置**
論文審査委員	(主査) 教授 濱口 浩三 (副査) 教授 二井 将光　教授 松原 央 教授 向畑 恭男(名大理)

論文内容の要旨

高度好塩菌 *Halobacterium halobium* は，生育に２Ｍ以上の高塩濃度を要求する古細菌である。この *H. halobium* の形質膜にあって，ＡＴＰを合成している酵素（Hal−ＡＴＰase）が，分子量，至適pH，阻害剤の効果等の点で，酵素化学的に，FoF_1−ATPase（Ｆ型ＡＴPase）とは異質であることが，実験的に示された。そこで，このHal−ATPase をタンパク化学的に同定しようと試みた。

Hal−ＡＴPase に対する抗体を作成し，種々のイオン輸送性ＡＴPaseと免疫交差反応を行った。リン酸化中間体を形成するＰ型ＡＴPase である筋小胞体のCa^{2+}−ＡＴPase，Ｆ型ＡＴPase であるCF_1 ＡＴPase とは，まったく交差反応を示さなかった。一方，他の古細菌である *Sulfolobus acidocaldarius* の膜に存在するＡＴPaseとは明らかに交差反応がみられた。この結果は，古細菌のＡＴPaseは互いによく似ており，Ｆ型とは異なった一群（Ａ型ＡＴPase）を作っているという事を示している。さらに，Hal−ＡＴPase に対する抗体は，高等植物である赤甜菜の，液胞膜に存在している陰イオン感受性のＡＴPase（Ｖ型ＡＴPase）と顕著な免疫交差反応を示した。これは，Ａ型ATPaseとＶ型ATPaseが免疫化学的に近縁であること，さらに真核生物のオルガネラの1つである液胞と古細菌との類縁関係を示唆している。これらの免疫反応の結果を確証するために，Hal−ATPase のアミノ酸配列を決定する目的で遺伝子のクローニングを行った。

Hal−ＡＴＰaseの二大サブユニットα，βをコードしている遺伝子 *atpA*，*atpB* は，１つのオペロン中に存在していた。*atpA* は，５８５個（分子量：６４，１０４），*atpB* は，４７０個（分子量：５１，９５６）のアミノ酸からなると推定された。アミノ酸配列を，Ｆ型，Ｖ型，他のＡ型のＡＴPaseと比較すると，Ｆ型とは，どのサブユニット間の組みあわせにおいても２０数％の相同性しかみられなかっ

たが，V型，他のA型とは，大きなサブユニット同士（約５０％の相同性），小さなサブユニット同士（約５５％の相同性）が，それぞれ対応していた。

A型ＡＴPaseとV型ＡＴPaseの相同性が高い事から，液胞膜等の一重膜オルガネラが，始原古細菌の細胞膜の内胞化により生じた可能性が生まれる。共生進化説の上にたって考えた時，現在の真核生物は，古細菌（A型ＡＴPaseをもつ）を宿主として，それに真正細菌（F型ＡＴPaseをもつ）が共生したものを起原としている事が，ＡＴPaseからの比較によって，示唆された。

論文の審査結果の要旨

井原邦夫君の論文は高度好塩性古細菌*H. halobium*の形質膜に存在するATPase（Hal－ATPase）の酵素化学的，免疫化学的性質を調べたものである。

Hal－ＡＴPaseに対する抗体はP型ＡＴPaseやF型ＡＴPaseとは全く免疫交差反応を示さず，他の古細菌の膜結合性ＡＴPaseと交差反応することが示された。また，真核生物のエンドソームに存在するV型のＡＴPaseとは顕著な交差反応がみられた。このようにして，古細菌のＡＴPaseはすべて類似しており，P型，F型とは異なる一群のＡＴPase（A型ＡＴPase）をつくっていること，また，A型ＡＴPaseとV型ATPaseとは近縁関係にあることを推定した。

これらのことを確めるために，Hal－ＡＴPaseの遺伝子のクローニングを行ない，α－サブユニットとβ－サブユニットのアミノ酸配列を推定し，他のＡＴPaseのアミノ酸配列と比較した。その結果，Hal－ＡＴPaseはF型ＡＴPaseよりも，古細菌のＡＴPaseやV型ＡＴPaseとの配列により高い相同性のあることを見出した。

これらの結果は，高度好塩性古細菌のATPaseの進化学的位置について新しい知見を示したものであり，井原君の論文は理学博士の学位論文として十分価値あるものと認める。