



Title	Identification of Functional Domains of Bordetella Dermonecrotizing Toxin
Author(s)	柏本, 孝茂
Citation	大阪大学, 2000, 博士論文
Version Type	
URL	https://hdl.handle.net/11094/41814
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。

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

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

The University of Osaka

氏 名	かし 柏 もと 本 たか 孝 しげ 茂
博士の専攻分野の名称	博 士 (医 学)
学 位 記 番 号	第 1 5 0 6 4 号
学 位 授 与 年 月 日	平 成 12 年 2 月 3 日
学 位 授 与 の 要 件	学位規則第4条第1項該当 医学系研究科 病理系専攻
学 位 論 文 名	Identification of Functional Domains of <i>Bordetella</i> Dermonecrotizing Toxin (<i>Bordetella</i> 壊死毒の機能ドメインの同定)
論 文 審 査 委 員	(主査) 教 授 本 田 武 司 (副査) 教 授 木 下 タ ロ ウ 教 授 杉 本 央

論 文 内 容 の 要 旨

[目的]

Bordetella 壊死毒(DNT)は百日咳菌(*Bordetella pertussis*)などの *Bordetella* 属細菌に共通の病原因子である。DNTの本質は Rho ファミリーの低分子量 GTP 結合タンパク質を特異的に脱アミド化するトランスグルタミナーゼであることが明らかになっている。DNT を細胞に作用させると、ストレスファイバーや細胞基質間接着斑の形成促進、DNA 合成の促進、細胞の多核化等の多彩な毒素作用を示す。DNT は大腸菌の cytotoxic necrotizing factor (CNF) や *Pasteurella maltocida* 毒素 (PMT) と共に新しい壊死毒ファミリーに分類される。それぞれの毒素は壊死作用という共通の生物活性を示すのみならず、一次構造において DNT と CNF は C 末端領域で、CNF と PMT は N 末端領域で相同性が認められる。しかし壊死毒ファミリーの毒素の構造機能相関は良く解っていない。一般に、タンパク毒素は細胞への結合 (Binding) ドメインと作用に直接関わる活性 (Active) ドメインを分子内に持つ A-B 構造をとることが知られている。最近 CNF では N 末端側に B ドメイン、C 末端側に A ドメインが局在することが報告された。本研究では壊死毒ファミリーの構造機能相関を理解するために DNT の機能ドメインの解析を試みた。

[方法ならびに成績]

DNT 遺伝子のクローニング：B.b. S798株より精製した DNT のトリプシン消化断片の N 末端アミノ酸配列を基に DNA プローブを合成し、同株から作製したゲノムライブラリーをスクリーニングして DNT 遺伝子をクローニングした。DNT 遺伝子の塩基配列と DNT タンパクの N 末端アミノ酸配列の解析結果から、DNT の ORF の開始コドンはこれまでに報告されていた位置より 39bp 上流の GTG である事が解った。また、*Bordetella pertussis* Tohama 株の DNT を用いた解析結果も同様であった。このことから、DNT は 1,464 アミノ酸から成る分子量 160,602 のタンパクである事が明らかとなった。

酵素活性ドメインの解析：クローニングした DNT 遺伝子から部位欠失変異 DNT を作製し、それぞれの酵素活性を調べて活性ドメインの局在を解析した。変異 DNT の酵素活性を簡便に検出するため、大腸菌内で変異 DNT と RhoA を共発現させて菌体内で作用させ、回収した RhoA の修飾を調べた。修飾を受けた RhoA は SDS 電気泳動で移

動度が変化するのでこれを修飾の指標とした。この方法で種々の部位欠失変異 DNT の酵素活性を認べたところ、DNT の全長を発現させた DNT_{wt}、DNT の C 末端側領域のアミノ酸位 523-1464 の DNT 断片 (DNT₅₂₃₋₁₄₆₄) (数字は発現させた領域のアミノ酸位を示す)、DNT₁₁₆₃₋₁₄₆₄、DNT₁₁₇₆₋₁₄₆₄ は RhoA を修飾した。一方、N 末端側領域断片にあたる DNT₁₋₅₃₁、DNT₁₋₁₁₆₂ は修飾作用を示さなかった。さらに、DNT₁₁₇₆₋₁₄₆₄ の N 末端側を欠失させた DNT₁₂₉₂₋₁₄₆₄、あるいは C 末端側を欠失させた DNT₁₁₇₆₋₁₄₄₄、DNT₁₁₇₆₋₁₃₆₄ の活性を調べたところ、いずれの変異 DNT も修飾作用を示さなかった。以上の結果から、酵素活性を有するドメインは DNT の C 末端側、1176a.a. から C 末端まで (DNT₁₁₇₆₋₁₄₆₄) の領域に局在することが解った。

トランスグルタミナーゼの活性中心には、システインが必須であることが知られている。活性領域を持つ DNA₁₁₇₆₋₁₄₆₄ には 1,305 位にひとつシステインが存在している。そこで、このシステインをアラニンに置換した変異体を作製したところ、DNT の酵素活性が消失した。このシステインの近傍の一次構造には他のトランスグルタミナーゼと相同性が認められた。以上の事から、DNT の酵素活性領域内にある 1,305 位のシステインは DNT の酵素活性中心を構成していることが考えられた。

細胞への結合ドメインの解析：DNT の酵素活性ドメインを欠失した N 末端断片 DNT₁₋₅₃₁ と活性ドメインを含む DNT₅₂₃₋₁₄₆₄ を作製して、それぞれが精製 DNT の細胞に対する多核化を競合拮抗するかどうか調べた。その結果、DNT による細胞の多核化は DNT₁₋₅₃₁ によって濃度依存的に阻害された。DNT₅₂₃₋₁₄₆₄ は DNT の作用に影響しなかった。この結果と DNT の酵素活性ドメインが C 末端側に局在していたという事実とを併せて、DNT の N 末端から 531a.a. の領域に細胞への結合あるいは細胞内移行に関するドメインが局在していると推察された。

[総括]

本研究により DNT はこれまでの報告よりも N 末端アミノ酸が 13 残基長いアミノ酸残基数 1,464 で推定分子量 160,602 の 1 本鎖タンパク毒素であることが解った。部位欠失変異 DNT を用いた機能ドメインの解析から、DNT のトランスグルタミナーゼ活性は C 末端側領域 1,176a.a. から C 末端の領域に局在し、その活性中心は 1,305 位のシステインであると考えられた。一方、N 末端から 531a.a. の領域に細胞への結合あるいは細胞内移行に関するドメインが局在することが示唆された。以上の結果より DNT は N 末端側に Binding、C 末端側に Active ドメインを持つ、B-A 構造をとっていると考えられた。

論文審査の結果の要旨

Bordetella 壊死毒 (DNT) は百日咳菌 (*Bordetella pertussis*) などの *Bordetella* 属細菌に共通の病原因子である。DNT の本質は Rho ファミリーの低分子量 GTP 結合タンパク質を標的とするトランスグルタミナーゼである。DNT は大腸菌の cytotoxic necrotizing factor (CNF) や *Pasteurella maltocida* 毒素 (PMT) と共に新しい壊死毒ファミリーに分類される。それぞれの毒素は壊死作用という共通の生物活性を示すのみならず、一次構造において相同性が認められる。しかし壊死毒ファミリーの毒素の構造機能相関は良く解っていない。本研究の目的は壊死毒ファミリーの構造機能相関を理解するために DNT の機能ドメインの局在を同定することにある。DNT 遺伝子のクローニングの結果から得られた塩基配列と DNT タンパクの N 末端アミノ酸配列の解析から、DNT の ORF の開始コドンはこれまでに報告されていた位置より 39bp 上流の GTG である事が明らかにした。その結果、DNT は N 末端アミノ酸がこれまでの報告よりも 13 残基長い、アミノ酸残基数 1,464、推定分子量 160,602 の 1 本鎖タンパク毒素である事が解った。部位欠失変異 DNT を用いた解析から、DNT のトランスグルタミナーゼ活性は C 末端側領域 1,176a.a. から C 末端の領域に局在する事を明らかにし、その活性中心は 1,305 位のシステインであることを示唆した。また、N 末端から 531a.a. の領域に細胞への結合あるいは細胞内移行に関するドメインが局在することを明らかにした。以上のことから DNT は N 末端側に Binding、C 末端側に Active ドメインが局在する B-A 構造をとることが解った。

以上の知見は DNT の毒素作用の総合的な理解に貢献しただけでなく、壊死毒ファミリー全体の構造機能相関の解明にも大いに貢献するもので、学位の授与に値すると思われる。