

コアクチベーター-MBF1 を通して見た極低温環境への適応と進化

1. 代表研究者名

[国立遺伝学研究所] 広瀬進

2. 共同研究者

[国立遺伝学研究所] Qing-Xin-Liu、五條堀孝、小原雄治

[国立極地研究所] 工藤栄

[国立情報学研究所] 藤山秋佐夫

[統計数理研究所] 長谷川政美

3. 平成 17 年度の研究実績報告

3-1. 研究目標

MBF1 は転写制御因子と TATA ボックス結合タンパク質 TBP の間をかけ橋して転写活性化に関わるコアクチベーターで、全ての古細菌から真核生物に保存されている非常に起源の古いタンパク質である。本課題の目的は、極低温環境に生きる生物の MBF1 の配列を解析し、すでに明らかとなっている通常の生物のそれと比較することにより、生物が極低温環境にいかに対応し、進化してきたかについて調べることである。

3-2. H17 年度の研究成果 (概要)

極低温環境に生きる 2 種の植物 *Ceratodon purpureus* と *Bryum pseudotriquetrum* を極地研工藤助教授から分与してもらい、それらから total cellular RNA を抽出し、さらにその中から poly A⁺RNA を精製した。逆転写酵素を用いてこれら poly A⁺RNA から cDNA を合成し、2 本鎖 DNA とした後、ベクターと連結して cDNA ライブラリーを調製した。この cDNA ライブラリーを鋳型とし、種々の生物の MBF1 で高度に保存されている領域をプライマーにして PCR で DNA 断片を増幅し、これら植物の MBF1cDNA のクローニングを試みた。その結果、*B. pseudotriquetrum* の MBF1cDNA を分離することができた。極低温環境に生きる植物の MBF1 に固有の配列を見出すため、現在さらに *C. purpureus* MBF1cDNA のクローニングを行っている。

3-3. 今後の展開

極低温環境に生きる植物の MBF1 に固有の配列が見出されたら、その配列と相互作用する MBF1 のパートナーとなる転写制御因子を yeast two hybrid system を用いて同定する。次にこの転写制御因子に対する抗体を作製し、それを用いてクロマチン免疫沈降を行って回収した DNA 断片の近傍の DNA 配列を決定し、この転写制御因子の支配を受けるターゲット遺伝子群を同定し、これら植物の極低温耐性のメカニズムを明らかにする。さらに、氷床コア微生物の MBF1 配列が明らかになったら、極低温耐性に関わる領域の配列にもとづいて進化を考察する。

3-4. 成果発表及び執筆論文

- 広瀬 進“酸化ストレス応答を支配するコアクチベーター-MBF1” 蛋白質・核酸・酵素 vol.50、 pp.136-140(2005)
- 広瀬 進“コアクチベーター-MBF1 を通して見た極低温耐性のメカニズム”融合研究シンポジウム「情報とシステム 2006」(2006.3月東京)