

10. キーワード

(1) 大腸菌	(2) 核様体	(3) H-NS	(4) HU
(5) IHF	(6) Fis	(7) GeF-seq	(8)

11. 現在までの進捗状況

(区分)(2) おおむね順調に進展している。

(理由)

今年度は、IHFの関与も考慮し、HU/IHF欠損株を用いて解析を進めることで、HU/IHFが、大腸菌の核様体の機能維持に予想以上に大きな役割を担っていることを示唆できた。GeF-seqによる詳細な核様体タンパク質の結合地図を作成したところ、大腸菌ゲノムのかなりの部分は、HU/IHFおよびH-NSと結合しており、加えて、IHFとH-NSが、同時に結合している領域が複数ゲノム上に存在することが明らかになった。この結果を元に、IHF欠損株で、H-NSの結合プロファイルを観察したが、その結合プロファイルは変化していなかった。これらは、H-NSホモログ欠損株でも観察された現象であり、結合プロファイル自体は変化していないが、核様体の立体構造の変化を介して、転写制御には影響している可能性が考えられた。また、IHFの機能をHUが代替することで影響が抑えられている可能性も示唆された。これらの結果から、HU/IHFは、ゲノムの超らせん構造、らせん構造を維持し、核様体構造を介したストレス応答が円滑に進むことを助けていると予想し、解析を進めている。

12. 今後の研究の推進方策 等

(今後の推進方策)

今年度決定した核様体タンパク質の詳細な結合地図は、出来るだけ早い時点で公開できるよう努力する。また、HU/IHF欠損株における、他のDNA結合タンパク質の機能についても解析をする必要が出てきたと考えている。一方で、HU/IHF欠損株が予想以上に大きな表現型を示すことから、GeF-seqを用いた解析に困難が発生する可能性がある。また、HU/IHFの欠損では、H-NS等の核様体タンパク質の結合プロファイルは、表面上、影響を受けない可能性も出てきたことから、今年度は、引き続きGeF-seq解析を継続して実施するとともに、それを補完する解析手法である、トランスクリプトーム解析も精力的に進め、HU/IHFのゲノム機能に与える影響を明らかにする。その結果を参考に、核様体構造による発現制御を受ける標的遺伝子の中から、さらなる解析の標的とする遺伝子を選定し、標的遺伝子の発現制御機構を解明するためのレポーターアッセイ、分子生物学的な解析を通して、核様体構造を介したストレス応答の分子機構を解明していく予定である。

(次年度使用額が生じた理由と使用計画)

(理由)

解析対象である変異株の変異の影響が大きく、GeF-seq等のゲノム解析に時間がかかっている。

(使用計画)

今年度得られた知見も活用し、GeF-seq等のゲノム解析を進める。

(課題番号： 26450090)

(注) ・印刷に当たっては、A4判(縦長)・両面印刷すること。

13. 研究発表(平成27年度の研究成果)

(雑誌論文) 計(3)件/うち査読付論文 計(3)件/うち国際共著 計(1)件/うちオープンアクセス 計(3)件

著者名		論文標題				
Fukui N, Oshima T, Ueda T, Ogasawara N, Tobe T.		Gene Activation through the Modulation of Nucleoid Structures by a Horizontally Transferred Regulator, Pch, in Enterohemorrhagic Escherichia coli				
雑誌名	査読の有無	巻	発行年	最初と最後の頁	国際共著	
PLoS One	有	11	2 0 1 6	e0149718	-	
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子)						
10.1371/journal.pone.0149718						
オープンアクセス						
オープンアクセスとしている(また、その予定である)						

著者名		論文標題				
Higashi K., Tobe T., Kanai A., Uyar E., Ishikawa S., Suzuki Y., Ogasawara N., Kurokawa K., and Oshima T		H-NS Facilitates Sequence Diversification of Horizontally Transferred DNAs during Their Integration in Host Chromosomes				
雑誌名	査読の有無	巻	発行年	最初と最後の頁	国際共著	
PLoS genetics	有	12	2 0 1 6	e1005796	-	
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子)						
10.1371/journal.pgen.1005796						
オープンアクセス						
オープンアクセスとしている(また、その予定である)						

著者名		論文標題				
Imashimizu M., Takahashi H., Oshima T., McIntosh C., Bubunenko M., Court DL., and Kashlev M.		Visualizing translocation dynamics and nascent transcript errors in paused RNA polymerases in vivo				
雑誌名	査読の有無	巻	発行年	最初と最後の頁	国際共著	
Genome Biology	有	16	2 0 1 5	98	該当する	
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子)						
10.1186/s13059-015-0666-5						
オープンアクセス						
オープンアクセスとしている(また、その予定である)						

(課題番号: 26450090)

(注)・印刷に当たっては、A4判(縦長)・両面印刷すること。

(3/5)

〔学会発表〕 計(3)件/うち招待講演 計(1)件/うち国際学会 計(0)件

発表者名		発表標題	
大島 拓		RNAポリメラーゼの動きをゲノムワイドに解析する、(ワークショップ:バクテリア細胞増殖プロセス研究の最前線)	
学会等名		発表年月日	発表場所
第89回日本細菌学会総会(招待講演)		2016年03月23日 ~ 2016年03月25日	大阪国際交流センター (大阪府大阪市)

発表者名		発表標題	
東 光一、戸邊 亨、石川 周、鈴木 穂、小笠原 直毅、黒川 顕、大島 拓		H-NS による転写抑制を介した大腸菌ゲノムの多様性獲得機構	
学会等名		発表年月日	発表場所
第10回日本ゲノム微生物学会年会		2016年03月04日 ~ 2016年03月05日	東京工業大学 (東京都目黒区)

発表者名		発表標題	
Onuma Chumsakul, 中村 健介、石川 周、大島 拓		Genome Footprinting (GeF-seq)により明らかにされたIhfAおよびIhaB特異的認識配列	
学会等名		発表年月日	発表場所
第12回 21世紀大腸菌研究会		2015年06月04日 ~ 2015年06月05日	琵琶湖グランドホテル (滋賀県大津市)

〔図書〕 計(0)件

著者名		出版社	
書名		発行年	総ページ数

(課題番号: 26450090)

(注)・印刷に当たっては、A4判(縦長)・両面印刷すること。

14. 研究成果による産業財産権の出願・取得状況

(出願) 計(0)件

産業財産権の名称	発明者	権利者	産業財産権の種類、番号	出願年月日	国内・外国の別

(取得) 計(0)件

産業財産権の名称	発明者	権利者	産業財産権の種類、番号	取得年月日	国内・外国の別
				出願年月日	

15. 科研費を使用して開催した国際研究集会

(国際研究集会) 計(0)件

国際研究集会名	開催年月日	開催場所

16. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

(1) 国際共同研究: -

17. 備考

--