

平成18年度科学研究費補助金実績報告書（研究実績報告書）

1. 機関番号 1 4 6 0 3 2. 研究機関名 奈良先端科学技術大学院大学
3. 研究種目名 若手研究（B） 4. 研究期間 平成18年度～平成19年度
5. 課題番号 1 8 7 7 0 1 7 3
6. 研究課題名 細菌の細胞分裂初期の分子メカニズムの解明

7. 研究代表者

研究者番号	研究代表者名	所属部局名	職名
3 0 3 5 9 8 7 2	イシカワ, シュウ 石川, 周	情報科学研究科	助手

8. 研究分担者(所属研究機関名については、研究代表者の所属研究機関と異なる場合のみ記入すること。)

研究者番号	研究分担者名	所属研究機関名・部局名	職名
	フガナ		
	フガナ		
	フガナ		
	フガナ		
	フガナ		

9. 研究実績の概要(国立情報学研究所でデータベース化するため、600字～800字で記入。図、グラフ等は記載しないこと。)

FtsZにPCRにより変位を導入し、FtsZ-FtsA、FtsZ-YlmFの相互作用を失ったFtsZ変位を酵母2ハイブリッド解析により、それぞれ、25個、50個を取得し、塩基配列決定により変位部位を特定した。これらの変異部位を構造がわかっているなかで最も近縁種である *Mycobacterium tuberculosis* の結晶構造をもとにマップした。

(N末端側のGTPase domain) 最も保存されているdomainであり、GTPの加水分解と共役したpolymerization、Z-ring形成の中心domainである。多くの変異は、このdomainの表面ではなく内部、もしくはGTP binding pocket周辺に見られた。このことは、FtsAとYlmFの直接の結合domainではないが、GTPase活性とリンクした立体構造が、結合に重要である可能性を示唆している。

(C末端側のαβ domain) 近縁種では良く保存されているが、比較的保存性の低いdomainである。しかしながら、今回得られた変異のなかで蛋白質の表面に存在するものはこの領域にのみ見られたことから、この領域がFtsA、YlmFとの結合領域の1つである可能性が高い。

(C末端の約10アミノ酸の保存された領域) 結晶構造が得られていないことから、不安定な構造をとっていると予想される。しかしながら、これまでの大腸菌、枯草菌の酵母2ハイブリッド解析からはFtsZ-FtsAの相互作用において重要であることが示唆されてきた。今回の結果でも、FtsZのC末端の12アミノ酸に変位部位を持つものが数種得られた。面白いことに、YlmFと相互作用を失うものも同じ領域に変異を持つものが多数得られた。この結果は、YlmFを持つがFtsAを持たないシアノバクテリアとアクチノバクテリアでもFtsZのC末端領域の配列が保存されているという事実と合致する。

※ 成果の公表を見合わせる必要がある場合は、その理由及び差し控え期間等を記入した調書(A4判縦長横書1枚)を添付すること。

10. キーワード

- | | | |
|----------|---------|----------|
| (1) 細菌 | (2) 蛋白質 | (3) 生体分子 |
| (4) 細胞分裂 | (5) | (6) |
| (7) | (8) | (裏面に続く) |

11. 研究発表(平成18年度の研究成果)

〔雑誌論文〕 計(0)件

著者名	論文標題		
雑誌名	巻・号	発行年	ページ
		□□□	

著者名	論文標題		
雑誌名	巻・号	発行年	ページ
		□□□	

著者名	論文標題		
雑誌名	巻・号	発行年	ページ
		□□□	

著者名	論文標題		
雑誌名	巻・号	発行年	ページ
		□□□	

著者名	論文標題		
雑誌名	巻・号	発行年	ページ
		□□□	

著者名	論文標題		
雑誌名	巻・号	発行年	ページ
		□□□	

〔図書〕 計(0)件

著者名	出版社		
書名	発行年	総ページ数	
	□□□		

12. 研究成果による工業所有権の出願・取得状況

計(0)件

工業所有権の名称	発明者	権利者	工業所有権の種類、番号	出願年月日	取得年月日

