

バクテリア形態形成を制御する 複合体の動態と機能解析



しお みたい すけ
塩 見 大 輔

私たちは、これまでに、大腸菌を用いて、形態形成制御機構の解析を行ってきた。大腸菌は、中央のシリンダー部分とその両端に半球を結合した桿菌と呼ばれる形態をしている。桿菌を形成するためには、細胞極性、長さ、幅が厳密に制御される必要がある。そして、これらのパラメータの制御は細胞骨格タンパク質MreBアクチンを含む超分子複合体が担っている。

ほとんどのバクテリアはペプチドグリカン(PG)に覆われており、PGがバクテリアの形態を決定する。すなわち、PGを正しく合成することが、正しい形態を形成することになるのである。PG合成酵素の空間的配置を制御するのがMreBであると考えられてきた。MreBは、細胞質内で比較的短いフィラメントあるいはクラスターを形成する。このクラスターには、MreBだけでなく、MreC, MreD, RodZ, PBP 2 など多くの膜タンパク質を含む形態形成制御因子が含まれており、この超分子複合体はelongasomeと呼ばれる。MreBは、細胞の短軸に沿って回転運動をしており、この回転運動はPG合成と共役している (Garner et al., 2011, Domínguez-Escobar et al., 2011, van Teeffelen et al., 2011)。私たちは、RodZもMreBと同様の動態を示すことを見出している。一方、elongasomeに含まれるペプチドグリカン合成酵素PBP 2はMreBの運動とは異なり、拡散運動をしている

(Lee et al., 2014)。すなわち、elongasome複合体とは、二つの異なる運動をする分子が存在する超分子複合体である。一つの複合体を構成する因子が、異なる運動をするときに、これらの運動をリンクさせ、正しく機能させる機構はどのようなものだろうか？複合体の運動と細胞の形態形成にどのような関連があるのだろうか？そもそも複合体の形態がフィラメントなのか、クラスターなのかという議論もある。これらを明らかにするためには、この複合体の局在・運動を野生株及び形態異常株で観察するとともに、この複合体の構成因子間の相互作用について改めて検討する必要があると考えられる。私たちは、elongasome複合体内の相互作用をBacterial two-hybrid法および部位特異的*in vivo*光架橋実験により行ってきた(投稿準備中)。本研究ではこれらを発展させ、より詳細に複合体内相互作用ネットワークを明らかにしたい。また、elongasome複合体は分裂装置divisome複合体とも協調して機能することが報告されており、様々な機能を担っている。これら様々な機能と複合体の動態の関わりも明らかにしたい。さらに、精製タンパク質を用いて形態形成制御機構を再構成する実験系の構築にも挑戦する。以上の実験から、elongasomeの動態の基本的な機構および複合体の機能の解明を目指す。

研究のキーワード：細胞形態、細胞骨格、バクテリア、ペプチドグリカン

研究室HPのURL：<http://www2.rikkyo.ac.jp/web/dshiomi/CellularFunctionLab/Top.html>