

(様式 5)

指導教員 承認印	
-------------	--

平成 28 年 1 月 27 日

学位（博士）論文の和文要旨

論文提出者	工学府博士後期課程 生命工学専攻 平成 25 年度入学 学籍番号 13831108 氏名 吳 楠 印
主指導教員 氏 名	黒田 裕
論文題目	大腸菌の自己溶菌を用いた <i>Gaussia luciferase</i> のスクリーニング 法の開発及びその発光特徴の改変
論文要旨（2000 字程度） <p>ルシフェラーゼは、バイオイメージングのマーカーとして汎用されている発光酵素である。本博士論文では、近年注目されている海洋生物ガウシア由来の Gaussia Luciferase (GLuc) を改変するための新規探索法を開発し、赤色偏移の GLuc 変異体を複数同定した研究を報告した。</p> <p>第一章では、本研究の概略について述べ、研究の意義を示した。GLuc は coelenterazine luciferase の一種で、現在同定されているルシフェラーゼの中で分子量が最も小さいが、発光強度は最も強いため、レポーター蛋白質としてその実用性が近年注目されている。しかし、GLuc の発光の最大波長は 480nm であるため、生体内バイオイメージングに応用した場合、その発光波長は生体組織に吸収されやすい。そのため、生体組織に発光波長が吸収され難い赤色発光変異体の開発が重要だと考えられている。しかし、GLuc の構造はまだ未解明であるため、その変異体開発に関する研究は十分に行われていない。そのため、本研究では、大腸菌における GLuc の変異体の探索（スクリーニング）を行った。また、探索の効率を向上させるため、大腸菌溶菌蛋白質 VanX を利用し、GLuc に適用する簡便な探索法の開発も本研究の目的の一つである。</p> <p>第二章では、GLuc の変異体探索について必要な先行研究を纏めた、GLuc の活性部位を予測した。まず GLuc に関する大腸菌発現系の構築及び天然状態の折り畳みに関する研究について論じた。その後、先行研究で解明された GLuc 分子に関する情報：GLuc 分子は発光活性を持つ 2 つの相同的なドメイン(27-97, 98-168)から成ること、及び発光に関係する部位であろうアミノ酸が改変された 4 種類の GLuc 変異体の研究を纏め、先行研</p>	

究の変異部位はほぼドメイン1であることが分かった。そこで新たにドメイン2の相同な部位に同様の変異を導入することで更なる赤色発光変異体が創出できないかと考えた。その後、配列の相同性検索を用い、GLucの活性部位を予測した。まずBLASTを用いてGLucと高い配列類似性を持つ12個のルシフェラーゼを選出した。その後、CLUSTAL Wを用いてそれら12種類ルシフェラーゼとGLuc間で保存度が高い領域を探した。その結果、ドメイン1の52-77配列とドメイン2の123-148配列の2つの保存度が高い領域が認識され、各ドメインの活性領域と考えた。また、その両領域間で高い配列類似性が示され、各領域内にある4つのシステインの配置も類似性が見られた。そのため、両活性ドメイン内の活性部位の配列も類似していると推測された。また、2011年キム博士らにより開発された赤色発光変異体MONSTAの4ヶ所の変異部位中のF72とI73(ドメイン1)に対応しているドメイン2の部位としてW143とL144が保存領域123-148配列内に存在し、これがドメイン2の活性部位と予測し、次章の探索法の標的部位とした。

また、本章では赤色発光変異体MONSTAの4ヶ所の変異F72W, I73L, H78E, Y80Wを本研究室により構築した野生発光特性を持つ変異体GLuc-TGに導入し、GLuc-MONSTAを構築した。発現精製後のGLuc-MONSTAは8nm赤色偏移した波長を示した。GLuc-MONSTAをGLucの探索の鋳型とした。

第三章では、先行研究によって開発されたVanXの共発現溶菌系を最適化し、GLucのように外部からの基質を必要とする酵素の探索に適した溶菌探索法を開発した。その探索法はVanXとGLucを共発現させ、VanXによる溶菌作用で培地に漏出したGLucの発光活性を培地中で測定する方法である。共発現溶菌法で測定したGLuc(GLuc-TG及びGLuc-MONSTA)のスペクトルと通常の発現・精製後に測定したものが重なることが確認され、溶菌後に培地中で測定した結果の精度を証明した。また、19個の個々のコロニーを種として共発現させた培地から回収したGLucの発光波長が最大1.5nmの差があったため、これをこの系の測定精度と考え、今後の探索で得られた変異体の測定対象は発光波長が1.5nm以上偏移した変異体とすることとした。

その後、最適化した共発現溶菌法を利用し、第二章で予測したドメイン2にある活性サイトW143とL144、及び他のドメイン1内の活性部位と配列類似性があるドメイン2のサイトF113、I114、A149、F151、全6か所のランダムスクリーニングを行った。結果、3nm赤色偏移した変異体W143VとL144Aが同定された。両変異体を精製し発光波長を測定した後も同様の偏移を示した。また、変異体L144AはGLuc-MONSTAより高い熱安定性を示した。

第四章「結論」では、得られた成果を要約し、本研究の総括を行った。