

ゲノムスケールの DNA 設計・合成による細胞制御技術の創出
2020 年度採択研究者

2021 年度 年次報告書

石川 聖人

名古屋大学大学院工学研究科
助教

リピート配列の相同組換えを保護する細菌ゲノムの分子基盤

§ 1. 研究成果の概要

タンデムリピート配列は、相同組換えによって機能損失するリスクがあるにも関わらず、細菌ゲノム中では安定に維持されている。このことはタンデムリピート配列を相同組換えから保護するシステムの存在を連想させる。この細菌ゲノムの基本原理を解明し、人為的に解除・誘導できれば、DNAを切らずに相同組換えを誘発することや、望まない相同組換えを抑制することなど、今までにないゲノムスケール DNA の操作技術が開発できる。私がこれまで研究してきた長鎖遺伝子 *ataA* には複数のタンデムリピート配列が存在する。本研究では *ataA* 遺伝子の宿主である *Acinetobacter* 属細菌 Tol 5 が、これらタンデムリピート配列の相同組換えをどのように保護しているかを明らかにすることで、未知なる細菌ゲノムの機能を解明し、新たなゲノム操作技術の開発に繋げることを目指す。

2021 年度は、2020 年度に明らかにしたアンチリコンビナーゼ候補遺伝子を選択的にノックアウトした株を構築し、相同組換え頻度を測定するためのプラスミドを用いて評価した。その結果、候補遺伝子欠損株は大腸菌 BL21 株と同程度まで相同組換え頻度が高くなることが明らかとなった。アンチリコンビナーゼ候補遺伝子のスクリーニングは飽和に達していないと考え、変異株ライブラリーの拡張に取り組み、Tol 5 株の全遺伝子数の 5 倍をカバーするまでに達した。また、本計画を効率的に進めるために Tol 5 株の完全ゲノム配列をナノポアシーケンサーとショートリードシーケンサーを用いて決定した¹⁾。

- 1) “Complete genome sequence of the highly adhesive bacterium *Acinetobacter* sp. strain Tol 5”, Microbiology Resource Announcements, vol. 10, No. 35, e00567-21, 2021, doi: 10.1128/MRA.00567-21.