

論文審査の結果の要旨

氏名 潘 玲

本論文は3章からなり、第1章は、酵母におけるBax誘導性細胞死の抑制因子の単離、第2章はAtEBPの解析、第3章は植物におけるAtEBPの解析について述べられている。

近年Bax誘導性の細胞死が酵母で知られている。この系を利用して、Xu & Reed(1998)は、酵母のBax誘導性細胞死の抑制因子を動物の遺伝子から同定した。本研究では、アラビドプシスのcDNAライブラリーより酵母のBax誘導性細胞死を抑えるものを単離する試みがなされた。その結果、*AtBI-1*、*Fe-SOD*、*GST*などの遺伝子が得られた。驚くことに、最も高頻度で得られた遺伝子は*AtEBP*であった。

申請者は本研究において、これらの結果を考察するとともに、植物における遺伝子発現及びその応答について解析した。

1. 酵母におけるBax誘導性細胞死の植物の抑制因子の単離

アラビドプシスの培養細胞由来のcDNAライブラリーを酵母の発現ベクターに構築した。YEp51-BaxをBF264-15Dauに導入した酵母株(QX95001)が用いられた。すなわち、マウスの全長Baxタンパク質をガラクトース誘導性プロモータ(*GAL 10*)により発現をコントロールした。本株は、グルコースからガラクトースを含む培基に移すことにより、Bax誘導性細胞死を示す。そこで、アラビドプシス由来cDNAライブラリーをQX95001株に導入し、Bax抵抗性クローニングした。一次スクリーニングの結果、10⁶クローニー約600コロニーがガラクトース培地の上で生存した。このような酵母から単離したcDNAをQX95001株に再度導入したところ、最終的に34クローニングが得られた。

塩基配列解析の結果、34クローニングの中で2クローニングが*AtBI-1*であった。他の3クローニングは、*Fe-SOD*、*peroxidase*、*GST*をコードした遺伝子であり、活性酸素の消去にかかわっていると予想された。興味ある事に、全クローニングの82%が*AtEBP*遺伝子であった。本遺伝子は、エチレン誘導性GCC box結合因子として知られている。

2. AtEBPの解析

*AtEBP*はGCC boxと特異的に結合するAP2(ERF)ドメインを有する。図4A示したように、*AtEBP*をQX95001株に導入すると、ガラクトース培地の上でも生存が確認された。この結果から、*AtEBP*がBax誘導性細胞死を強く抑制する事が示された。一方、Baxタンパク質(21kDa)はコントロールベクター(pYX112)又は*AtEBP*を有するプラスミド(pYX112-*AtEBP*)を導入した両酵母で検出された。この事は、*AtEBP*は酵母のBaxタンパク質の発現を阻害しない事が確かめられた。*AtEBP*のどの部位がBax誘導性細胞死の抑制に関与するかを調べるために、図5Aのような実験を行った。その結果、全長を有するもののみがガラクトース培地上で生存し、全長の配列が必須である事が示された。

酵母内の*AtEBP*の細胞内局在を調べるために、本タンパク質のN-末端或はC-末端にGFPを連結し、QX95001株で発現させた。両者とも、ガラクトース培基上で、Bax誘導性細胞死抑制能を有した。蛍光顕微鏡で観察したところ、GFP-*AtEBP*及び*AtEBP-GFP*共に核に

局在した。NLS 配列を削除した AtEBP が核に移行しなかった事から、AtEBP の核局在が細胞死阻害因子として必須であると考えられる。

3. 植物における AtEBP の解析

AtEBP の植物細胞での機能を調べる目的で、*AtEBP* 遺伝子を過剰発現するタバコ BY-2 細胞が得られた。H₂O₂に対する応答を Evans blue 処理による死細胞の解析により比較した。その結果、コントロールと比べて、AtEBP を過剰に発現する細胞では約 2 倍の H₂O₂ 耐性が観察された。

次にエチレン信号伝達アラビドプシス突然変異体を用い、*AtEBP* mRNA 薩積量を比較した。その結果、*AtEBP* の発現は、*ctr1-1* では上昇したが、*etr1*, *ein2* 及び *ein2-1* で低下した。注目されたのは、*ein3-1* で *AtEBP* の発現量が野生型植物と同等したところ、AtEBP は EIN2 の下流で、EIN3 の上流に存在する可能性が認められた。

本研究は、酵母を用いた細胞死抑制因子の解明に向けて重要な知見であると判断する。したがって、博士（理学）の学位を授与できると認める。尚、本論文は、川合真紀博士、L.H.Yu 博士、K.M.Kim 博士、平田愛子博士、梅田正明博士、内宮博文博士との共同研究であるが、論文提出者が主体となって分析および解析を行ったもので、論文提出者の寄与が十分であると判断する。