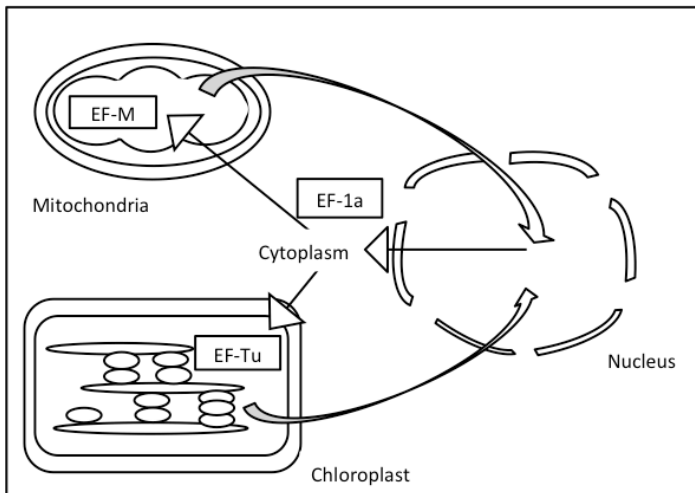


## オルガネラ翻訳伸長因子の変異体が示す発生異常

重政 理紗 (筑波大学 生物学類) 指導教員: 中田 和人 (筑波大学 生命環境系)

真核生物のミトコンドリア、プラスチドには、核内の DNA とは別の独自の DNA が存在する。現在の分類学において、生物界は真核生物ドメイン、真正細菌ドメイン、古細菌ドメインの3つのドメインに大きく分類される (Woese *et al*, 1990)。それによれば、真核生物は古細菌の姉妹群にあたるが、真核細胞のオルガネラのうち、ミトコンドリアや葉緑体はそれぞれ自由生活性の  $\alpha$  プロテオバクテリアやシアノバクテリアといった真正細菌に由来すると考えられている (Gray M.W. *et al*, 1989, Smith. *et al*, 2000)。現在の真核生物のオルガネラに存在する DNA は、元の真正細菌のゲノムサイズに比べて非常に小さいものとなっており、元の遺伝子領域の大部分が核に移行した、もしくは完全に失われたことが分かってきている。このように進化の過程で移行して核 DNA にコードされるようになったオルガネラタンパク質は、細胞質で翻訳され、N 末端にある移行シグナルに従って目的のオルガネラに輸送される。



EF-Tu (elongation factor thermo unstable) とは GTP 依存的にアミノアシル-tRNA をリボソーム上に運搬する役割を持ち、原核生物に広く保存されたタンパク合成に関わる翻訳伸長因子である。シロイヌナズナの EF-Tu (At4g20360) は 476 アミノ酸からなる分子量 51K のプラスチドタンパク質で、GTPase 活性を持つドメイン I、アミノアシル-tRNA やリボソームとの結合に重要であるドメイン II と III の3つのドメインから構成される。別名を RabE1b とも呼ばれるが、この RAB ファミリーとはある共通したドメインが構造変化を起こすことで GTP 結合型、GDP 結合型の間で相互変換し、様々な生体反応のスイッチとして働く一群の低分子量 G タンパク質である。実際に EF-Tu も GTP と高い親和性を示し、GTP 結合型るとき a.a.-tRNA と複合体を形成する。EF-Tu は N 末端移行シグナル配列によりプラスチドへと移行される核コードタンパク質と考えられ、動物にはないものである。ミトコンドリアや細胞質の elongation factor は別に存在しており、それぞれ EF-M (At5g02930) と EF-1a (At5g60390) と呼ぶ (Kuhlman *et al*, 1995)。

今回、私は *Arabidopsis thaliana* の EF-Tu 遺伝子について複数の T-DNA 挿入変異体を用いて、その表現型を調べ、“寄生体”

が植物に与える影響をみた。その結果、Null allele 変異体は胚発生が進行せず、種子を形成することはなかった。また、EF-Tu の転写開始上流に T-DNA 挿入された変異体、SAIL\_659\_G09 (*ef-tu-2*) と SALK\_069644 (*ef-tu-3*) の2つの weak allele 変異体においては T-DNA 挿入位置に応じて表現型に違いが見られた。*ef-tu-2* 変異体では地上部地下部ともクロロフィル含量の低下が起こっており、地上部では淡色化した個体となった。一方 *ef-tu-3* 変異体はクロロフィル含量においては *ef-tu-2* 変異体ほどの低下は見られなかったものの、地上部の形態、個体差ともに大きく、主根は短かった。よって EF-Tu の転写開始点上流に T-DNA が挿入されることで葉と根で異なる表現型を示すことが明らかとなった。

これより、変異体では、EF-Tu の発現、機能低下によってプラスチドでのタンパク質合成が下がり、プラスチドの発達も阻害され、さらに植物本体で多面的に発達阻害が起こったものと考えられている。プラスチドは単なる寄生ではなく、そのタンパク質合成が、細胞の分化、発生にも深く関与していることが示された。

