

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 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

2. 個人研究者名

石川 聖人（長浜バイオ大学バイオサイエンス学部 准教授）

3. 事後評価結果

本研究のねらいは、タンデムリピート配列を相同組換えから保護する細菌ゲノムの分子基盤を解明し、その知見に基づく新たなゲノム操作技術の基盤を構築することである。採択時の期待を上回る進展があった。具体的には、本研究では *ataA* 遺伝子の宿主細菌 (*Acinetobacter* sp. Tol 5) がリピート配列の相同組換えを抑制している分子基盤の解明を目指した。まず、*ataA* 遺伝子のリピート配列間で生じる相同組換えの頻度を測定する手法を確立し、*ataA* 遺伝子に存在するリピート配列の中で、相同組換えの起こりやすい箇所と起こりにくい箇所をナノポアシーケンシングにより特定した。さらに、それらには塩基修飾の違いがあることを発見した。また、アンチリコンビナーゼの候補として、*mutS* 遺伝子を同定した。*mutS* 欠損株の相同組換え頻度は異種細菌である大腸菌の値と同程度まで上昇したことから、DNA 修復酵素として知られる MutS が Tol 5 株ではアンチリコンビナーゼとしても機能することが示唆された。

領域内共同研究も積極的に進めており、CREST「ゲノム合成」領域の岩崎グループが CRISPR-Cas の対偶遺伝子として発見した DUF4402 の機能解析を進めている。さきがけ研究期間を通じて研究者自身も随分成長したとの印象を得た。提案書時点では解釈が偏っているのではと感じていたが、領域会議での発表のたびに、ゲノム反復配列の意味・重要性和その解析法を解りやすく伝えるよう工夫がなされ、発表技術が向上した。一つ一つの問題にきちんと誠実に向き合っており、今後の活躍が期待できる。