

福井健二^{1,2}, 西田雅美¹, 井上由美子¹, 柳楽武志¹, 中川紀子^{1,2},
増井良治^{1,2}, 倉光成紀^{1,2}

Kenji Fukui^{1,2}, Masami Nishida¹, Yumiko Inoue¹, Takeshi Nagira¹, Noriko
Nakagawa^{1,2}, Ryoji Masui^{1,2}, and Seiki Kuramitsu^{1,2}

(¹ 理研播磨研 放射光科学総合研究センター, ² 阪大・院理・生物)

(¹ RIKEN Spring-8 Center, Harima Inst., ² Grad. Sch. Sci. Osaka Univ.)

e-mail: k.fukui@spring8.or.jp

DNA 修復系のひとつミスマッチ修復系（ロングパッチ型）は、主に DNA 複製のエラーにより生じたミスマッチ塩基対を認識し修復している。大腸菌ではミスマッチ修復系の初期反応は、MutS, MutL, MutH の 3 つの蛋白質により行われる。MutS, MutL ホモログについてはほとんど全ての生物でその存在が確認されているが、エンドヌクレアーゼである MutH については大腸菌およびその近縁種で見つかっておらず、多くの生物では大腸菌とは異なるミスマッチ修復機構が存在すると考えられている（図 1）。さらに、近年、大腸菌とその他の生物の間には、MutH の有無だけでなく、MutL の配列および機能についても差異が指摘されている。我々は、高度好熱菌が MutH を持たない事、高度好熱菌 MutL が真核生物 MutL ホモログと共通の配列を持つ事などから、ミスマッチ修復系研究のモデル生物として適していると考え、この生物のミスマッチ修復系酵素群の機能解析および、それらの酵素群を用いた再構成系の確立を試みている。

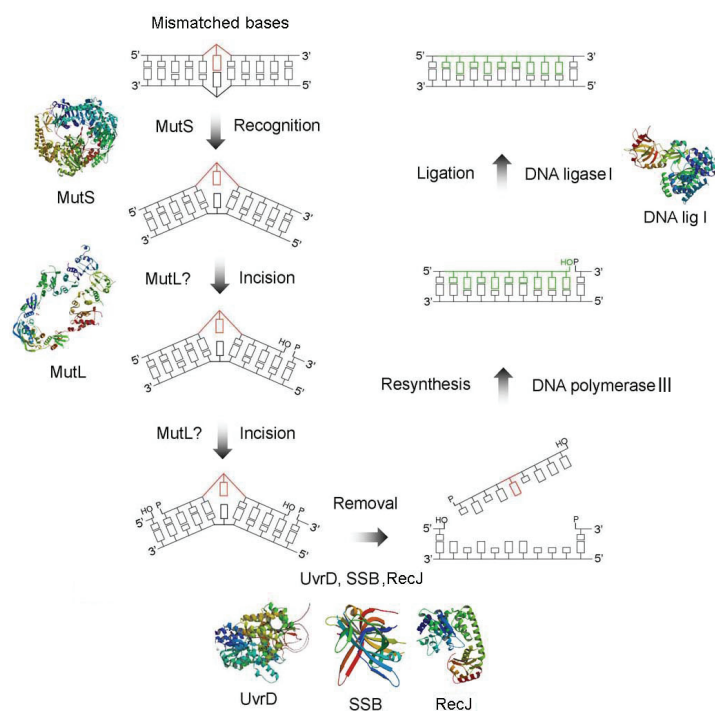


図1: ミスマッチ修復系のモデル