

科学研究費助成事業（基盤研究（S））中間評価

課題番号	22H04984	研究期間	令和4(2022)年度～ 令和8(2026)年度
研究課題名	概日時計の複雑多様性の単純化	研究代表者 (所属・職) (令和6年3月現在)	秋山 修志 (分子科学研究所・協奏分子システム研究センター・教授)

【令和6(2024)年度 中間評価結果】

評価	評価基準
A+	想定を超える研究の進展があり、期待以上の成果が見込まれる
○ A	順調に研究が進展しており、期待どおりの成果が見込まれる
A-	一部に遅れ等が認められるため、今後努力が必要であるが、概ね順調に研究が進展しており、一定の成果が見込まれる
B	研究が遅れており、今後一層の努力が必要である
C	研究が遅れ、研究成果が見込まれないため、研究経費の減額又は研究の中止が適当である
<p>(研究の概要)</p> <p>シアノバクテリアは、KaiA、KaiB、KaiC の3種類のタンパク質からなる生物時計システムを持っており、それらの協調により約24時間周期の概日リズムを刻んでいる。本研究では、その中で鍵となる役割を担う KaiC の分子特性を、生理学的機能が失われない極限レベルまで削ぎ落として単純化するアプローチにより、概日時計の本質である自律的発振、周期の温度補償性、同調能がどのように営まれるかについてを原子レベルで明らかにし、概日時計の源振動の実体の解明を目指す。</p>	
<p>(意見等)</p> <p>本研究では、KaiC の6量体の複雑多様性の単純化、ATPase の複雑多様性の単純化、進化的な複雑多様性の単純化の3つの課題に取り組んでおり、それぞれで良好な進捗がみられる。6量体の膨大な数の構造多型から、重要なものを8種類に絞り込むことに成功し、また異なるリン酸化率における構造解析において、構造多型のそれぞれの構造解析を進めている。ATPase サイクルの律速過程が C1 ドメインの加水分解であることを解明し、技術的には C1 ドメインの加水分解、C2 ドメインの ATP 利用を分離計測できるようになったことは重要である。進化については、祖先型 KaiC の配列を再構成し、そのリズム解析を進めることで時計機能獲得の時期を推定しており、興味深い知見を得ている。</p>	