

好熱菌由来 tRNA ( グアニン-7- ) -メチル化酵素は、  
コアドメインのみでメチル基転移活性を持つ

富川千恵<sup>1</sup>、堀 弘幸<sup>1,2</sup>

(1 愛媛大・院理工、2 愛媛大・ベンチャービジネ斯拉ボ)

極限環境下に生育する生物の生体内システムの研究は、生物の分子進化や、生命現象を理解する上で、非常に重要な位置にある。超好熱菌 *Aquifex aeolicus* は、90 という超高温環境下でも生育可能な真正細菌であり、上記のような理由から、本菌の研究は必須であると考えている。

tRNA 修飾ヌクレオシドは、転写・翻訳効率の安定化や、tRNA の L 字型構造の維持など、重要な役割を担っていることが知られている。これまで、100 種以上の修飾ヌクレオシドが同定され、これらを合成する様々な修飾酵素が見つかっている。修飾ヌクレオシドの一つ、 $m^7G$  は、全ての RNA 分子種に存在している。例えば、Cap 構造の  $m^7G$  は、mRNA の安定化、mRNA のリボソームへの結合促進といった機能を担っており、生体内における RNA 修飾の重要性を明示している。

また、tRNA 中の  $m^7G46$  の修飾は、真正細菌、古細菌、真核生物に共通して見られる普遍的な修飾ヌクレオシドで、S-adenosyl-L-methionine (SAM) をメチル基供与体とし、tRNA ( $m^7G46$ ) methyltransferase [TrmB] によりメチル基転移がなされる。G-46 は、C-13, G-22 と三塩基対合を形成しており、この修飾は、tRNA の三次元立体構造の安定化に不可欠であることが分かっている。近年、この tRNA メチル化酵素の遺伝子は、大腸菌、酵母、好熱菌、ヒトから相次いで同定され、結晶構造解析もなされた。しかしながら、詳細な触媒メカニズムの解明や、基質認識機構への構造生物学的アプローチは、未だなされていない。そこで、我々は、*Aquifex aeolicus* の TrmB と、その他の真正細菌の TrmB のアミノ酸配列の情報をもとに、保存アミノ酸の含まれていない C 末部分を欠いたドメイン部分を作成したので、その解析結果について報告する。