

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来 TT1592 の X 線結晶解析X-ray structure of TT1592 from *Thermus thermophilus* HB8山田貢¹, 吉田裕美¹, 神鳥成弘^{1,2}, 中川紀子^{2,3}, 上利佳弘², 金川真由美², 倉光成紀^{2,3}Mitsugu Yamada¹, Hiromi Yoshida, Shigehiro Kamitori^{1,2}Noriko Nakagawa^{2,3}, Yoshihiro Agari², Mayumi Kanagawa², Seiki Kuramitsu^{2,3}(¹香川大学, ²理研播磨, ³阪大院理)(¹Kagawa Univ., ²RIKEN, Harima Inst., ³Grad. Sch. of Sci., Osaka Univ.)

e-mail: mi-chan@med.kagawa-u.ac.jp

「高度好熱菌 丸ごと一匹 プロジェクト」はあらゆる生物に共通で、基本的な一つの細胞全体の生命現象を原子レベルで理解することを目的としている。高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8は、現在遺伝子操作技術が確立している生物の中でもっとも高温で生育するものの一つである。ゲノムサイズは小さいが、その中に、多くの機能未知の蛋白質をコードする遺伝子の存在が示唆されている。

TT1592 は69アミノ酸からなる機能未知の小さな蛋白質で他の生物種の蛋白質と相同性を示さない極めて特異的な蛋白質である。また一次構造上、機能が推測できる特徴的なモチーフが存在せず、機能予測が極めて困難である。本研究では、この機能未知蛋白質 TT1592 の構造解析を行い、機能予測における有用な情報を得ることを目的とした。

Crystal Data: Space group *C*2, $a = 96.68 \text{ \AA}$, $b = 56.04 \text{ \AA}$, $c = 48.94 \text{ \AA}$, $\beta = 93.62^\circ$

Resolution range: 50 – 2.0 \AA , No. of refs. =17,159, Completeness =96.9 %, R (R_{free})=0.222 (0.282)

セレノメチオニン置換体を用いた MAD 法によって 2.0 \AA 分解能で位相決定、構造解析を行った。TT1592 は図1に示すように3つの β スtrandからなる β シートとそれを取り囲むように配置した3つの α –ヘリックスで構成される極めて特徴的な構造をしている。得られた構造を Dali Server 等の構造類似性検索サーバーで検索したところ、高い相同性を示す構造は見られなかった。非対称単位中に4分子存在し、そのうち2分子が非対称単位内で近似的2回軸対称(非結晶学的2回軸)を持つ2量体構造をとっている(図2中、空色と黄色)。残る2つの分子は、結晶学的2回軸で関係づけられる分子と2量体構造をとっており(図2中、桃色あるいは緑色)、その2量体構造は、非結晶学的2回軸で関係づけられた2量体構造と極めてよく似ている。以上のことから、TT1592 は2量体で機能している可能性が強く示唆される。

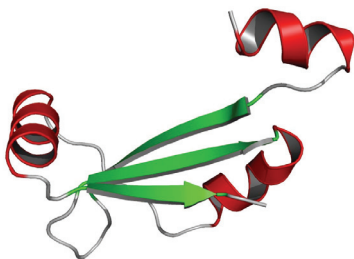


図1(左). TT1592 の単量体構造

図2(右). 結晶学的2回軸対称操作で得られる8分子(2量体×4)。結晶学的に独立な分子は、右(あるいは左)半分の桃色の半分、黄色、空色、緑色の半分。

