

No. 63

高度好熱菌由来 Stationary phase survival protein SurE の4 量体構造における対称性の崩れ

Crystal structure of the stationary phase survival protein SurE from *Thermus thermophilus* HB8

岩崎わかな¹, 三木邦夫^{1,2}

Wakana Iwasaki¹, Kunio Miki^{1,2}

(¹理研・播磨, ²京大・院理)

(¹RIKEN SPring-8 Center at Harima Inst., ²Grad. Sch. Sci., Kyoto Univ.)

e-mail: wiwasaki@spring8.or.jp

Stationary phase survival protein (SurE) は、真正細菌・古細菌・真核生物で保存されているタンパク質で、大腸菌においては、定常期の生存に必須であることが知られている。SurE は金属要求性のホスファターゼであり、ヌクレオチダーゼ活性およびポリリン酸分解活性を持つが、その生理機能や反応機構については不明である。現在までに、2種の好熱菌由来 SurE の単独および金属・阻害剤との複合体の構造が報告されている。更に SurE の機能について知見を得るため、われわれは *Thermus thermophilus* HB8 由来 SurE (TtSurE) の単独構造、および金属・AMP との複合体の構造を、X線結晶解析により決定した。

得られた TtSurE の構造は、既報の構造と同様に、2量体が2個（プロトマーA・B および C・D）会合して4量体を形成していた。TtSurE の会合状態について超遠心分析法により解析したところ、溶液中では、2量体と4量体の間で平衡にあることがわかった。TtSurE の4量体構造には、既報の構造では見られなかった対称性の崩れが認められた。まず1つは、一方の2量体が約12度剛体回転しており、2量体間の2回対称が崩れていたことである。この対称性の崩れは、異なる結晶系から得られた4量体構造においても同様に見られた。さらに、金属・AMP との複合体では、各プロトマーにおける活性部位の構造にも違いが見られた。プロトマーA, C では、活性残基を含むループが基質に対して開いた構造をとり、AMP を結合していたのに対し、プロトマーB, D では、このループが基質に対して閉じた構造をとり、AMP を結合していなかった。これらは、今回の構造解析によって初めて見られた特徴である。構造上の知見と、活性測定および変異体の構造解析の結果から、TtSurE は4量体で機能すること、そして、4つのプロトマーのうち、酵素として働くのは2つのプロトマーであることが示唆された。