

Pyrococcus horikoshii 由来 TYW1 の X 線結晶構造解析Crystal structure of *Pyrococcus horikoshii* TYW1

伊藤(後藤)桜子¹, 石井亮平², 伊藤拓宏¹, 柴田理恵², 房富絵美子², 別所義隆^{2,3}, 横山茂之^{1,2,3}

(¹東大・院理・生化, ²理研・GSC, ³理研・播磨)

Sakurako Goto-Ito¹, Ryohei Ishii², Takuhiro Ito¹, Rie Shibata², Emiko Fusatomi², Yoshitaka Bessho^{2,3}, Shigeyuki Yokoyama^{1,2,3}

(¹Dept. Biophys. and Biochem., Grad. Sch. of Sci., Univ. of Tokyo, ²RIKEN GSC, ³RIKEN Harima Inst.)

e-mail : yokoyama@biochem.s.u-tokyo.ac.jp

翻訳の際に、リボソームにおいて、mRNA 上のコドン 3 文字と、tRNA 上のアンチコドン 3 文字が正しく対合することにより、正しい遺伝子発現が保証されている。tRNA アンチコドン隣位 (37 位) に対する修飾は、コドン-アンチコドン対合をより強固にし、フレームシフトを防止する。真核生物や古細菌の幾つかの tRNA においては、37 位のグアノシンが、高度に修飾されて、五員環 2 つと六員環 1 つからなる三環性構造を持つ一群の塩基 (Wye 塩基) になる。2006 年に、Wye 塩基への修飾を担う一連の酵素が酵母で同定された。まず、TRM5 酵素が、グアノシン N1 位をメチル化し、続いて、TYW1 酵素が、Wye 塩基の基本骨格である三環性構造を形成する。三環性構造を作成するために必要な 2 つの炭素の供給源は同定されておらず、反応機構は明らかでない。TRM5 と TYW1 による連続した反応は、真核生物と古細菌で共通であろうと予測される。

これまでに、*P. horikoshii* TYW1 ホモログの立体構造を、X 線結晶構造解析により 2.5 Å の分解能で決定した(図 1)。TYW1 ホモログは、アミノ酸配列から予測されていた通り、鉄硫黄クラスターを有する radical AdoMet 酵素と考えられる構造であった。分子の中心にくぼみが存在し、このくぼみは生物種間で非常に高度に保存されており、かつ正電荷を帯びていたことから、tRNA を認識すると予測される。くぼみの内部に、3 つのシステイン残基に保持される鉄硫黄クラスター部位が 2 箇所見出された。そのうち 1 つは、鉄硫黄クラスターの存在とその位置が、アミノ酸配列から予測されていたものだが、もう一方はアミノ酸配列からは予測できないものであった。更に、鉄硫黄クラスターが実際に存在することは、鉄原子の異常分散を観測することによって示唆された。

今後は、TYW1 と tRNA との複合体の立体構造を解明することにより、反応機構をより明らかにすることを目指している。

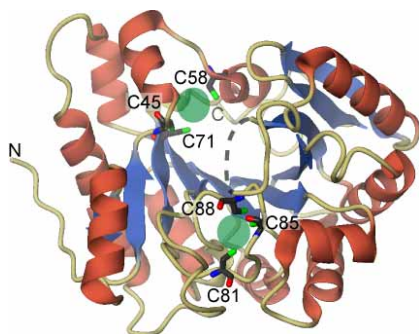


図 1. *P. horikoshii* TYW1 の立体構造
鉄硫黄クラスター位置を緑色で示す。