

マイコプラズマ・トリプトファン tRNA 合成酵素の立体構造と
変則遺伝暗号解読メカニズム

**Tryptophanyl-tRNA synthetase from *Mycoplasma pneumoniae*
for a deviant genetic code.**

○東島 今日子¹、石井 健¹、寺田 貴帆¹、白水 美香子¹、
別所 義隆¹、横山 茂之^{1,2}

Kyoko Higashijima¹, Takeshi Ishii¹, Takaho Terada¹, Mikako Shirouzu¹,
Yoshitaka Bessho¹, Shigeyuki Yokoyama^{1,2}

(¹ 理研・横浜研・生命分子、² 東大・院理)

(¹ RIKEN SSBC, ² Grad Sch Sci Univ Tokyo)

e-mails: higashij@gsc.riken.jp, bessho@gsc.riken.jp

ある種の生物や多くのミトコンドリアでは翻訳過程における遺伝暗号が普遍暗号に従わない変則暗号となっている。その一つ、オパール終止コドン UGA のトリプトファンへの暗号変異は、マイコプラズマやミトコンドリアの複数系統で独立に生じており、もっともよく見られる変則暗号のパターンとなっている。マイコプラズマではオパール終止コドン UGA を解読する終結因子 RF2 を失っており、代わりに通常のトリプトファン tRNA が遺伝子重複し、アンチコドンが変化した結果、UGG に加えて UGA もトリプトファンのコドンとして翻訳される。しかしながら、一般にトリプトファン tRNA 合成酵素 (TrpRS) は tRNA のアンチコドンを厳密に識別することで、変則的な翻訳が起こらないよう制御している。我々は、マイコプラズマ TrpRS のアンチコドン認識がどのように変化し、新たな tRNA を許容しているのか検証するため、結晶構造を決定した。全体構造は普遍暗号系生物の TrpRS と同じトポロジーを構成しており、マイコプラズマにおいても、tRNA への会合の基本メカニズムは同様であると推定された。一方、この結晶構造の基質複合体モデルにより、アンチコドン認識部位にはマイコプラズマに特徴的な変異が存在することが示された。このアンチコドン認識部位の変異体を作成し、遺伝暗号の人為的な改変が可能となる。