

## 古細菌由来RNAポリメラーゼのX線結晶構造解析

平田 章<sup>1,2</sup>, Brianna J. Klein<sup>1</sup>, 村上 勝彦<sup>1</sup>

Akira Hirata<sup>1,2</sup>, Brianna. J Klein<sup>1</sup>, Katsuhiko. S Murakami<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>ペンシルバニア州立大学, <sup>2</sup>愛媛大学・院理工)

(<sup>1</sup>The Pennsylvania State University, <sup>2</sup>Grad. Sch. of Material Sci and Biotechnology.

Ehime Univ)

e-mail: ahirata@eng.ehime.u-ac.jp

古細菌の RNA ポリメラーゼは、基本転写因子である TBP 及び TFB だけで、転写反応を始めるといふ、真核生物の RNA ポリメラーゼ II に比べてシンプルな転写装置である。また、古細菌の RNA ポリメラーゼのサブユニット組成は、原核生物の RNA ポリメラーゼに比べて、真核生物の RNA ポリメラーゼ II と非常によく似ていることが知られている。しかしながら、今まで、古細菌由来の RNA ポリメラーゼの立体構造は決定されていなかった。そこで、私達は、古細菌である *Sulfolobus solfataricus* 由来の RNA ポリメラーゼの X 線結晶構造を 3.4 Å 分解能で決定した。その立体構造は、11 個のサブユニットから構成され、全体的に真核生物の RNA ポリメラーゼ II の構造と非常に類似していた。このことから、両酵素は共通祖先から分子進化したことが示唆された。

一方で、古細菌の RNA ポリメラーゼの D サブユニットは、鉄硫黄クラスターを保持していた。鉄硫黄クラスターは、D サブユニットのフェレドキシン様ドメインにより保持され、システイン残基が鉄原子と結合していた。この結合を壊すための変異解析を行ったところ、鉄硫黄クラスターが、RNA ポリメラーゼの集積形成に関与していることが示唆された [1]。

### Reference

[1]Hirata, A., Klein, B.J., and Murakami, K.S. (2008) *Nature* 451, 851-854