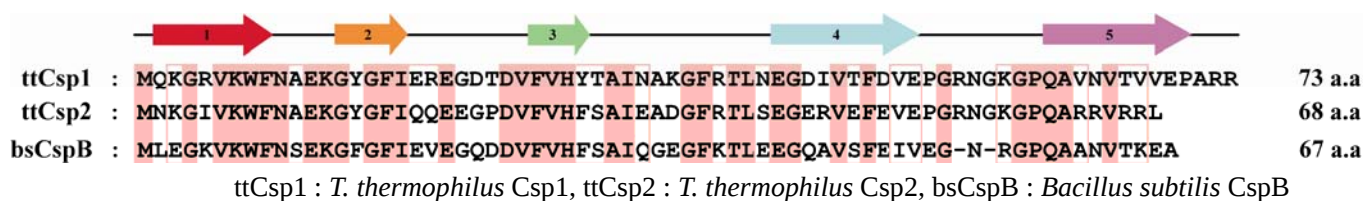


***Thermus thermophilus* HB8 由来 cold shock proteins の安定性の解析**Stability analysis of cold shock proteins from *Thermus thermophilus* HB8広崎 真司¹; 島田 敦広¹; 妻鹿 良亮¹; 中川 紀子^{1,2}Shinji Hirosaki¹, Atsuhiko Shimada¹, Ryousuke Mega¹, Noriko Nakagawa^{1,2}(¹ 阪大, ² 理研)(¹ Osaka Univ., ² RIKEN Harima Inst.)e-mail: sc6057hs@ecs.cmc.osaka-u.ac.jp

大腸菌を用いた組み換えタンパク質の大量発現法の確立や、効率的なペプチドの化学合成法の開発が進み、人工的な組み換えタンパク質を比較的容易に得られるようになった。したがって、自然界には存在しない組み換えタンパク質を設計し、大量に精製することも可能になりつつある。しかし、タンパク質の安定性やフォールディングの過程にはいまだに未解明の問題が数多くあり、設計した組み換えタンパク質がフォールディングしなかったり、安定性が低くなってしまうことも多々ある。これらの問題の解決には、タンパク質の安定性やフォールディングに関する基礎的なデータの集積が必要である。また、このような基礎的なデータの集積は、タンパク質のホモロジーモデリングなどの精度向上や、タンパク質工学や構造生物学、システム生物学分野への貢献も期待される。本研究では、タンパク質の安定性に関する基礎的な知見を得るために、高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 の持つ二種類の cold shock protein (ttCsp1, ttCsp2) をモデルタンパク質として用いて、熱力学的な解析を行った。

ttCsp1 は β -barrel 構造を持っており、216 nm 付近における CD 値は β -sheet 構造の含量を良く反映しているので、測定には 216 nm の CD 値を用いた。また、ttCsp1 と ttCsp2 はアミノ酸配列相同性が約 70% あり (Figure 1)、構造上もよく似ていることが考えられるため、ttCsp2 についても ttCsp1 と同様の方法で解析した。

**Figure 1. ttCsp1, ttCsp2, bsCspB のアミノ酸配列**

ttCsp1, ttCsp2 の熱安定性を調べたところ、ttCsp1 は約 70℃ まで安定であり、ttCsp2 は比較的穏やかに熱変性することが分かった。また、いずれも熱に対して可逆的に変性することが分かった。塩酸グアニジンを用いて変性剤に対する変性曲線を描いたところ、25℃ では ttCsp1, ttCsp2 は高濃度の塩酸グアニジンに対しても完全には変性しなかったが、37℃ に温度を上げて測定したところ、ttCsp1, ttCsp2 共に約 4 M の塩酸グアニジンに対して完全に変性した。これらの解析結果を報告する。