

***T. thermophilus* HB8 由来 cold shock protein 2 の安定性の解析**Protein stability of cold shock protein 2 from *T. thermophilus* HB8津田 裕美¹; 広崎 真司¹; 島田 敦広¹; 妻鹿 良亮¹; 中川 紀子^{1,2}Yumi Tsuda¹, Shinji Hirosaki¹, Atsuhiko Shimada¹, Ryousuke Mega¹, Noriko Nakagawa^{1,2}(¹阪大, ²理研)(¹Osaka Univ., ²RIKEN Harima Inst.)e-mail: ta27835@cb3.so-net.ne.jp

タンパク質は、遺伝子から翻訳されながら迅速に正しく折りたたまれることで生理活性をもつ。しかし、このタンパク質のフォールディングのメカニズムには、依然として未解明の問題が多く存在している。例えば、アミノ酸配列から考えられるコンフォメーションは天文学的な数が存在するにもかかわらず、タンパク質は瞬時に正しいコンフォメーションをとることが出来る。また、自然界に存在するタンパク質と人工的に設計した全く同じアミノ酸配列のタンパク質が同じ立体構造をとるとは限らないことも知られている。こうしたタンパク質のフォールディングに関する問題の解決には、コンピューターを用いたシミュレーションが有効である。シミュレーションを行なうためには基準となるデータの蓄積が必要であり、データ量が多いほどシミュレーションの精度向上につながる。コンピューターシミュレーションの精度向上は、これらの問題解決以外にも新規フォールディングの設計や、望みのフォールディングが速度論的に到達可能かどうかの検証など、多くの利益をもたらすことが期待される。さらに、アミノ酸配列の情報だけから精度の高いタンパク質の構造予測を行なうことも可能となり、タンパク質の 3 次元構造からその機能を決定しようとする構造生物学や、特定の生命現象に関わるタンパク質ネットワークなどの同定を行なうシステム生物学に対しても貢献できる。

タンパク質の構造形成に関する基礎的な知見を得る手がかりとして、**低温ショック蛋白質** (cold shock protein (**Csp**); 図1)を解析の対象に選んだ。高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 が低温環境に適応する際に重要な役割を果たす **Csp2** は、溶液中で単量体で存在し、可逆的に変性・再生するため、蛋白質の構造形成の解析に適した蛋白質であることがわかった。そこで、蛍光スペクトルや CD スペクトルなどの分光学的方法を用いて、蛋白質の安定性に及ぼす温度や変性剤の影響について、予備的な解析を行った。

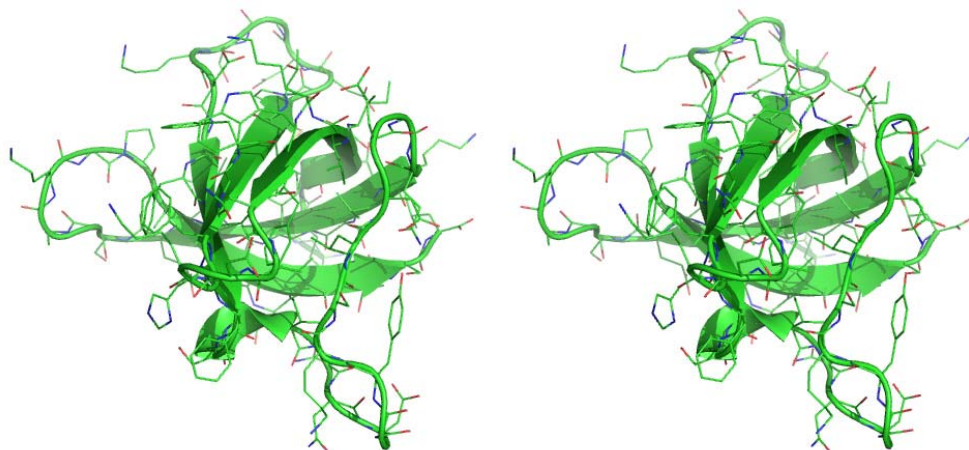


図1 Csp の立体構造
(立体図)