

***Thermus thermophilus* HB8 由来 histone-like protein の安定性の評価**
Stability analysis of a histone-like protein from *Thermus thermophilus* HB8

高橋 裕佳¹; 西田 優也¹; 島田 敦広²; 増井 良治^{1,2}

Yu-ka Takahashi¹, Yuya Nishida¹, Atsuhiko Shimada², Ryoji Masui^{1,2}

(¹ 阪大, ² 理研)

(¹Osaka Univ., ²RIKEN Harima Inst.)

e-mail: yu-u-ka@tcn.zaq.ne.jp

高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 は、遺伝子数が約 2,000 個しかなく、基本的な生命現象に必要な最低限の遺伝子しか持っていないと考えられる。従って、1 つの生命現象に関わるタンパク質分子の数が少なく、タンパク質ネットワークの同定に適している。さらに、高温環境下で生育しているため *T. thermophilus* HB8 由来のタンパク質は比較的安定であり、精製タンパク質を用いた機能解析実験にも向いている。また、結晶化効率も高いため、タンパク質の X 線結晶構造解析にも有用である。こうした特徴から、*T. thermophilus* HB8 はシステム生物学や構造生物学にとって最適なモデル生物である。

本研究室では *T. thermophilus* HB8 を用いて遺伝子修復系に関わる酵素群の網羅的な解析を行っている。遺伝子修復系酵素は直接 DNA と相互作用を示すものが多く、histone-like protein に属する HU もその 1 つである。HU は原核生物に広く保存されている低分子量のタンパク質であり (Figure 1)、ゲノム DNA と結合することが分かっている。遺伝子修復系酵素と HU との関わりは、細胞内での遺伝子修復系酵素の働きを考えるために非常に重要であり、DNA と histone-like protein との複合体の構造も解かれている (Figure 2)。遺伝子修復系酵素のタンパク質ネットワークを解析するためにも、HU の安定性など基本的な情報が必要であり、HU の詳細な機能については解明されていないことも多いが、本実験では *T. thermophilus* HB8 由来の ttHU を用いて熱力学的な解析を行った。

ttHU	MAAKKTVTKADLVDQVAQATGLKPKDVKAMVDALLAKVEEALANGSKVQLTGFGTFEVRKRKARTGVKPGTKKIKIPATQYPAFKPGKALKDKVKK	97aa
ecHU_α	MNKTQLIDVIAEKAELSKTQAKAALESTLAAITSLKEGDAVQLVGFQTFKVNHRAERTGRNPQTGKEIKIAAANVPAFVSGKALKDAVK	90aa
ecHU_β	MNKSQILIDKIAAGADISKAAGRALDAIIASVTESLKEGDDVALVGFQTFVAVKERAARTGRNPQTGKEITIAAAKVPSFRAGKALKDAVN	90aa
bsHU	MNKTQLINAVAEASELSKDATKAVDSVFTIILDAIKNGDKIOLIGFQNFVRRERSARKGRNPQTGEEIETPASKVPAFKPGKALKDAVAGK	92aa

Figure 1. HU のアミノ酸配列比較 ttHU: *T. thermophilus* HB8 HU, ecHU_α: *Escherichia coli* HU α-subunit, ecHU_β: *Escherichia coli* HU β-subunit, bsHU: *Bacillus subtilis* HU



Figure 2. Histone-like protein と DNA の複合体の構造