

高度好熱菌由来の機能未知タンパク質 TTHA1091 の機能解析

Functional analysis of TTHA1091 from *Thermus thermophilus* HB8

常藤明子¹, 友池史明², 中川紀子^{1,3}, 増井良治^{1,3}, 倉光成紀^{1,2,3}

Akiko Tsunetou¹, Fumiaki Tomoike², Noriko Nakagawa^{1,3}, Ryoji Masui^{1,3}
and Seiki Kuramitsu^{1,2,3}

(¹ 阪大・院理, ² 阪大・院生命機能, ³ 理研・播磨研)

(¹Grad. Sch. Sci., Osaka Univ., ²Grad. Sch. Frontier Biosci., Osaka Univ.
and ³RIKEN Harima Inst)

e-mail: tsunetou@bio.sci.osaka-u.ac.jp

核酸は生物が形態を形成・維持し次世代へと形質を伝えるために、重要な情報の伝達因子としての役割を担っている。核酸とは、塩基（プリン、ピリミジン）と糖およびリン酸からなるヌクレオチドがリン酸エステル結合で連なった生体高分子である。核酸の構成成分であるヌクレオチドは、生体内において新たに *de novo* 合成される場合と、核酸の分解産物を再利用するサルベージ経路によって合成される場合がある。*de novo* 合成のサブシステムについては比較的明らかになりつつあるが、サルベージ経路のサブシステムについては未だに分かっていないことが多い。

近年、サルベージ経路に関わる可能性がある、新規 adenosine kinase の構造が解かれた (Lott, J.S. *et al.* (2006) *J. Biol. Chem.* **281**, 22131-22141)。この酵素は Pfam (Protein families database) において新規の adenosine specific kinase ファミリーであると定義されている。しかし adenosine や AMP と言った既知の adenosine kinase 反応 ($\text{adenosine} + \text{ATP} \rightarrow \text{AMP} + \text{ADP}$) の基質や反応産物に相当する化合物との結合は確認されているが、その具体的な活性については報告されていない。また、バクテリアやアーキアに広く保存されており、高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 でもこのタンパク質の構造的なホモログである TTHA1091 が確認されている。*T. thermophilus* HB8 のサルベージ経路に関して、我々の研究室では既に *T. thermophilus* HB8 における cytidine kinase の詳細が明らかにされている。ゆえに、*T. thermophilus* HB8 のサルベージ経路を補完する酵素の発見が望まれていた。酵素の活性そのものは未だに分かっていないので、TTHA1091 を用いて明らかにしたいと考えている。

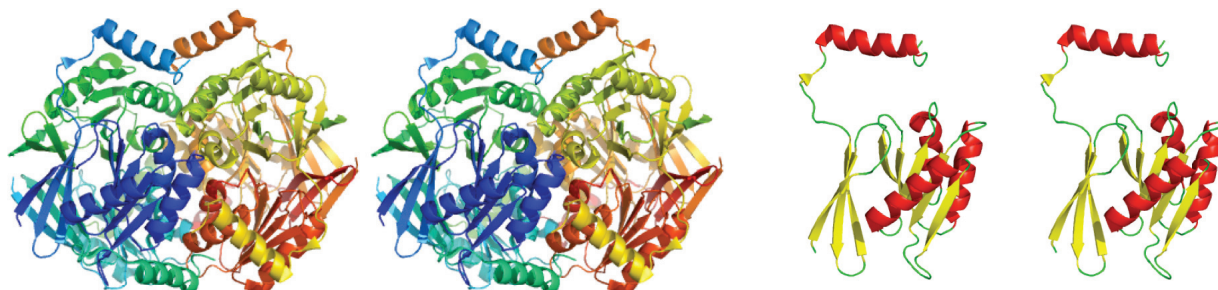


図 1. TTHA1091 立体構造の立体図 (PDB ID: 1VGG) 左:六量体 右:単量体