

Thermus thermophilus HB8 における Ser/Thr/Tyr リン酸化タンパク質の網羅的解析The Ser/Thr/Tyr phosphoproteome analysis of *Thermus thermophilus* HB8高畑 良雄¹, 金光², 中川 紀子^{2,3}, 増井 良治^{2,3}, 倉光 成紀^{1,2,3}Yoshio Takahata¹, Kwang Kim², Noriko Nakagawa^{2,3}, Ryoji Masui^{2,3}, Seiki Kuramitsu^{1,2,3}(¹阪大・院生命機能, ²阪大・院理, ³理研・播磨研)(¹Grad. Sch. Frontier Biosci., Osaka Univ., ²Grad. Sch. Sci., Osaka Univ.,³RIKEN Harima Inst.)e-mail: takahata@bio.sci.osaka-u.ac.jp

真核生物におけるタンパク質の Ser/Thr/Tyr のリン酸化は、シグナル伝達にとって重要な役割を果たしている。例えば、MAP キナーゼは、細胞外からのシグナルを細胞内へ伝達する主要なシステムの一つである。一方、原核生物では、タンパク質リン酸化制御システムとして、二成分系 two-component system は良く知られているが、真核生物とは大きく異なるとされてきた。しかし、近年の原核生物のゲノム解析により、真核生物と類似のタンパク質キナーゼが原核生物にも幅広く分布していることが分かってきている。例えば、枯草菌 *Bacillus subtilis* に存在する真核生物類似膜タンパク質キナーゼ PrkC は、転写伸張因子 elongation factor G をリン酸化するが、このリン酸化制御システムは胞子の発芽に関与することが示唆されている。このように真核生物と類似のリン酸化シグナル伝達システムが原核生物においても重要な役割をもつことが示されてきている。これまで、リン酸化タンパク質の網羅的解析は非常に困難とされてきたが、近年の質量分析装置とリン酸化ペプチド濃縮技術の発展により、リン酸化タンパク質を網羅的に解析する方法が確立されつつある。*Thermus thermophilus* HB8 は、遺伝子数が少なく、生命現象の解析に適したモデル生物なので、このモデル生物を利用して、多くの生物種に共通で基本的なシグナル制御システムの解明を試みつつある。

今回は、チタニアカラムを用いたリン酸化ペプチド濃縮技術と質量分析装置を用い (図 1), *T. thermophilus* HB8 のリン酸化タンパク質およびリン酸化部位の特定を試みた結果について報告する。

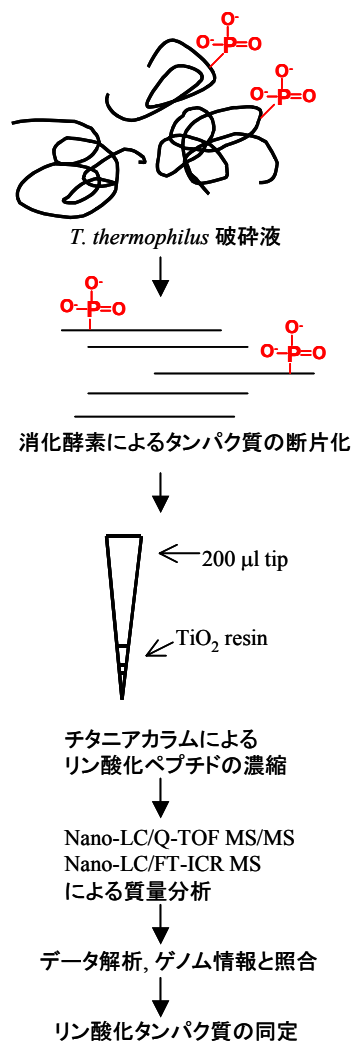


図 1 リン酸化タンパク質の解析方法