

150 近くに変性温度をもつ超安定な CutA1 蛋白質の構造特性

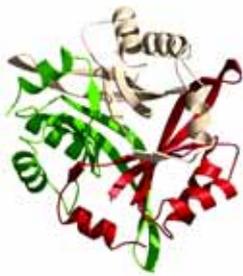
Structural features of CutA1 protein with a denaturation temperature of nearly 150°C

田中智之¹, 澤野雅英¹, 竹平美千代¹, 小笠原京子², 坂口安史³, Bagautdinov¹,
加藤悦子⁴, 新海暁男¹, 横山茂之^{1,5,6}, 油谷克英¹

T. Tanaka, M. Sawano, M. Takehira, K. Ogasahra, Y. Sakaguchi, B. Bagautdinov, Y. Katoh, A. Shinkai,
S. Yokoyama, & K. Yutani

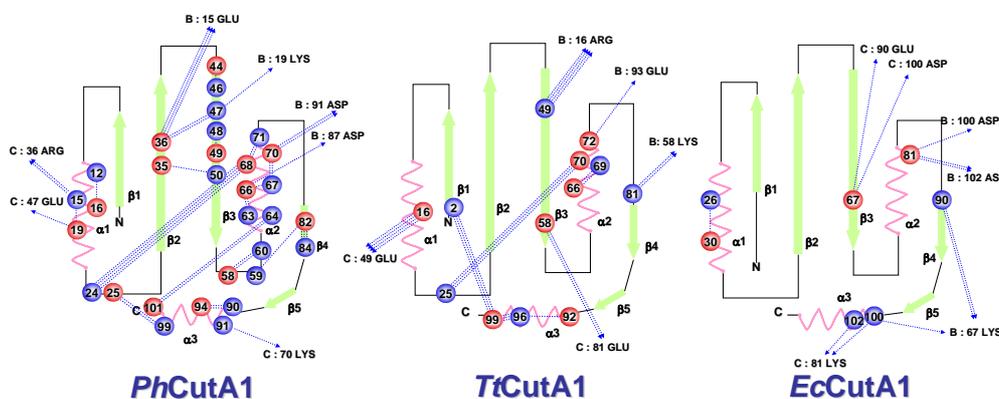
(¹理研播磨研, ²阪大蛋白研, ³日本シーベル, ⁴農業生物資源研, ⁵理研GSC, ⁶東大院理)

e-mail: ttanaka@spring8.or.jp



PhCutA1 Trimer structure

我々は、網羅的な好熱菌蛋白質を用いての、安定性 / 構造相関の研究の過程で、超好熱菌 *P. horikoshii* 由来の CutA1 蛋白質 (*PhCutA1*) が中性付近で 150 近くの熱変性温度を示すことを示差走査熱量計 (DSC) によって実測した。この温度はこれまでに実測された変性温度の最高を 30 近く上回っている。この超安定な蛋白質の熱安定化機構を明らかにするために、本蛋白質と高度好熱菌 *T. thermophilus* 由来の CutA1 (*TtCutA1*)、大腸菌由来のもの (*EcCutA1*) の 3 種の構造を比較分析した。*TtCutA1* は中性付近で変性温度は 113 であった。3 者の CutA1 はいずれも 3 量体 (モノマー分子量は 12K) でよく似た構造を有していた。3 量体のサブユニット間相互作用に寄与する水素結合、イオン結合、疎水性相互作用を比較すると、*PhCutA1* は他の 2 者より劣り、3 者の中では *TtCutA1* が最もサブユニット相互作用が勝っている。しかし、モノマー構造を比較すると、*PhCutA1* の水素結合、イオン結合、疎水性相互作用はいずれも他の 2 者よりも勝っている。その中でも、モノマー内のイオン結合数は *PhCutA1*、*TtCutA1*、*EcCutA1* はそれぞれ 31 本、12 本、1 本であり、*PhCutA1* が際だっていた。以上の結果は、*PhCutA1* の超熱安定化にモノマー内のイオン結合が重要な働きをしていることを示している。*PhCutA1* の他の 2 者に比べ異常に多い分子内イオン結合は、分子内二次構造セグメント間イオン結合とサブユニット間イオン結合と連動して、イオン結合ネットワークを構築している。これが立体構造の異常に高い安定性を支えている構造的基盤であると考えられる。このモノマー構造の高い安定化が実質的に 3 量体構造の安定化の基盤となっている *TtCutA1* の場合も *T. thermophilus* 由来としては異常に高い安定性を示しているが、この安定化の原因もイオン結合と見なすことができる。



Schematic views of ion pairs within 5 Å of the three CutA1 proteins