

## 高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来タンパク質 TTHB029 の

### X線結晶構造解析

Takahito Imagawa<sup>1,2</sup>, Hitoshi Iino<sup>2</sup>, Mayumi Kanagawa<sup>2</sup>, Akio Ebihara<sup>2</sup>, Seiki Kuramitsu<sup>2,3</sup> and Hideaki Tsuge<sup>1,2</sup>

今川貴仁<sup>1,2</sup>, 飯野均<sup>2</sup>, 金川真由美<sup>2</sup>, 海老原章郎<sup>2</sup>, 倉光成紀<sup>2,3</sup>, 津下英明<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup>Tokushima Bunri Univ, <sup>2</sup>RIKEN Harima Institute at SPring8, <sup>3</sup>Osaka Univ)

(<sup>1</sup>徳島文理大学, <sup>2</sup>播磨理研, <sup>3</sup>大阪大学)

E-mail [gin69@tokushima.bunri-u.ac.jp](mailto:gin69@tokushima.bunri-u.ac.jp)

*Thermus thermophilus* HB8 由来TTHB029 は分子量 30kDaの機能未知タンパク質である。TTHB029 のX線結晶構造解析(MAD法)より 2.9 Å分解能で構造決定を行った。DaliサーチよりTTHB029 と構造類似性の高い酵素をサーチした結果、*Clostridium thermocellum*由来のacetylxylan esterase (*Ct*CE4) (PDB ID 2c71, RMSD of 3.0 Å for 162 Cα pairs; 14 % sequence identity)や、*Streptococcus pneumoniae* 由来のpeptidoglycan GlcNAc deacetylase(*Spgda*) (PDB ID 2c1i, RMSD of 2.9 Å for 166 Cα pairs; 15 % sequence identity)と構造類似性が高いことが分かった。これらの酵素は、family 4 carbohydrate esterase(CE4)に分類されており、CE4 には *N*-acetyl-glucosamine, *N*-acetyl-muramic acid, *O*-acetyl-xyloseを基質とするものが存在する。*Ct*CE4はxylanを*Spgda* はGlcNAcを基質とし、2価金属イオン依存的に脱アセチル化する酵素である。これらの酵素とTTHB029 との構造比較の結果から、*Ct*CE4 や*Spgda*の活性部位周辺の残基が本酵素にも保存されており、活性部位周辺の構造も類似している点が多い事から、TTHB029 も*Ct*CE4や*Spgda* と似た機能を持つ酵素であるということが予想された。さらにESI-MSを使用した機能解析の結果もあわせて報告する。