

# リボソームストロークタンパク質の構造生物学 Structural biology of the ribosomal stalk proteins

伊東孝祐\*, 内海利男

新潟大学理学部 / 大学院自然科学研究科

〒950-2181 新潟県新潟市西区五十嵐 2 の町 8050

Kosuke Ito, Toshio Uchiumi

Faculty of Science / Graduate School of Science and Technology, Niigata University,  
8050 Ikarashi 2-no-cho, Nishi-ku, Niigata 950-2181, Japan

## 1 はじめに

遺伝情報翻訳は、開始、伸長、終結、リサイクリングの 4 段階からなる複雑な反応であり、それぞれの段階で働く翻訳因子がリボソームと機能的に相互作用することで進行する。ストロークタンパク質は、全ての生物種のリボソーム大サブユニットに複数コピー存在するタンパク質であり、リボソームと各種翻訳因子との相互作用において重要な役割を果たしている。

我々はこれまで、真核生物/古細菌型ストロークタンパク質を材料として研究を行ってきた。その結果、ストロークタンパク質は、(1) その C 末端を介して一連の GTPase 翻訳因子（開始因子 IF5B、伸長因子 EF2 と EF1A、終結因子 RF3）および ATPase リボソームリサイクル因子 ABCE1 と直接結合すること、そして、(2) それら翻訳因子をリボソームにリクルートすること、さらに、(3) 各種翻訳因子の機能発現にも必須であることを示してきた。

本課題では、ストロークタンパク質と翻訳因子の相互作用がどの様に翻訳因子の活性発現に関与するのか、その構造基盤を明らかにすべく研究を行った。また、本課題は、ストロークタンパク質はなぜ構造の異なる各種翻訳因子と相互作用が可能なのか、そのメカニズムを解明することも研究目的とした。

## 2 実験

ストロークタンパク質 C 末端の配列を含むペプチドと各種翻訳因子を混合して結晶化を行った。得られた結晶を利用して高エネ研のビームライン PF BL5A, PF-AR NW12A にて X 線回折強度データセットの取得を行った。そして、各種構造解析用計算ソフトを使用して立体構造を決定した。

## 3 結果および考察

我々は、翻訳開始因子 aIF5B、翻訳伸長因子 aEF1A、aEF2、リボソームリサイクリング因子 aABCE1 とストロークタンパク質との複合体の構造解析に成功した (図)。その結果、各翻訳因子とも、リボソームコア部位と結合した際には、ストロークタンパク質との相互作用部位は外側に露出していることが明らかになった。このことから我々は、ストローク

タンパク質は触手のように翻訳因子を捕獲してリボソームコアにリクルートするモデルを提唱した。また我々は、ストロークタンパク質は、相互作用する翻訳因子の形状に合わせて多彩に構造を変化させる天然変性タンパク質であることを明らかにした (図)。

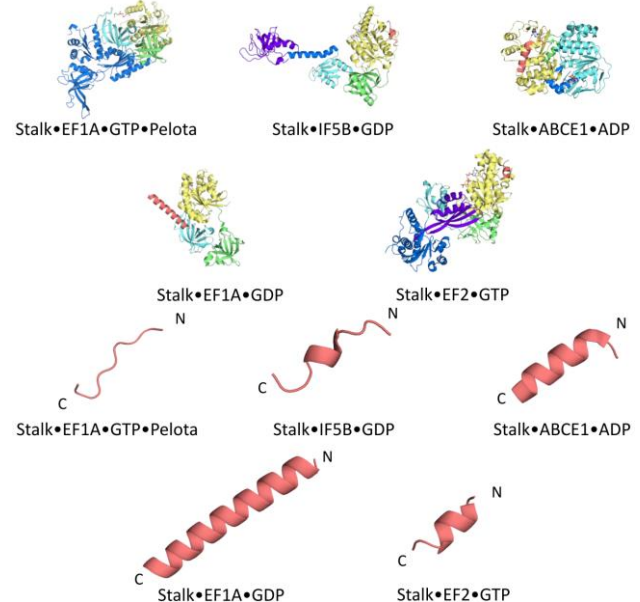


図 (上) ストロークタンパク質と各種翻訳因子との複合体の立体構造。ストロークをピンクで表示。翻訳因子はそれぞれのドメインを別々の色で表示。  
(下) 各複合体におけるストロークタンパク質部分の拡大図

## 謝辞

得られた構造のデータセットは、PF/PF-AR において取得したものです。厚く御礼申し上げます。

## 参考文献

- [1] K. Ito *et al.*, *Nucleic Acids Res.*, **42**, 14042-52 (2014).
- [2] R. Murakami *et al.*, *Mol. Cell Biol.* **38**, e00067-18 (2018).
- [3] H. Imai *et al.*, *Nucleic Acids Res.*, **46**, 7820-30 (2018).
- [4] T. Tanzawa *et al.*, *Nucleic Acids Res.*, **46**, 3232-44 (2018).
- [5] K. Maruyama *et al.*, *Sci Rep.*, **9**, 14761 (2019)

\* k-ito@bio.sc.niigata-u.ac.jp