

Carbazole 1,9a-dioxygenase における ferredoxin reductase 間相互作用領域の比較 Structural comparison of ferredoxin reductases of carbazole 1,9a-dioxygenases

梅田隆志¹, 藤本瑞², 野尻秀昭^{1*}

¹ 東京大学生物生産工学研究センター, 〒113-8657 東京都文京区弥生 1-1-1

² 農業生物資源研究所, 〒305-8602 茨城県つくば市観音台 2-1-2

Takashi Umeda, Zui Fujimoto, and Hideaki Nojiri*

¹ Biotechnology Research Center, The University of Tokyo, 1-1-1 Yayoi, Bunkyo-ku, Tokyo, 113-8657, Japan

² National Institute of Agrobiological Sciences, 2-1-2 Kannondai, Tsukuba, Ibaraki, 305-8602, Japan.

1 はじめに

Carbazole 1,9a-dioxygenase (CARDO)は、難分解性物質 carbazole の分解細菌が有する分解経路上の初発酸化反応を触媒する酵素である [1]。CARDO は、酸化反応を触媒する酸化酵素と電子伝達タンパク質である ferredoxin (Fd)及び ferredoxin reductase (Red)の三つのコンポーネントから構成される。これまでに我々は異なる菌由来から幾つかの CARDO を取得しているが、これらは Red が glutathione-reductase (GR)型で共通しているものの、Fd が proteo-type のもの (IIA 型に分類される)と Rieske-type のもの (IIB 型)に分けられるという特徴を持つ。過去の研究において、これら 2 種の Fd の立体構造は大きく異なる事が示されており、proteo-type Fd は、矢じり形である Rieske-type Fd と比べてより球に近い形状をしていた。このことから、同じ GR 型の Red が異なる type の Fd を電子伝達のカウンターパートとすることに興味を持たれた。そこで本研究では Red の Fd 相互作用領域の構造を比較することで、電子伝達複合体形成機構の詳細を明らかにすることを目的とした。

2 実験

酒石酸ナトリウムカリウムを沈澱剤とすることで、生成した菱形十二面体の Red_{IIB} (Rieske-type Fd と相互作用する)結晶から、ethylene glycol を抗凍結剤として用いて 3.7 Å 分解能の回折データを取得した。結晶は P4₃2 の空間群に属していた。分子置換法により位相を決定し、構造精密化を行った。

3 結果および考察

Red_{IIB} の全体構造を図 1 に示す。Red_{IIB} の全体構造はこれまで明らかとなっている Red_{IIA} (proteo-type Fd と相互作用する)と類似していた。

しかし、一部、主鎖の位置が異なる領域が存在していた。それはこれまでに明らかとなっている Fd との相互作用領域の縁にあり、Red_{IIA} のものは相互作用領域のより外側に、Red_{IIB} はでより内側に位置していた (図 2)。すなわち、Red_{IIA} は主鎖を外側に位置させる事で球状の proteo-type Fd と相互作用し易

くさせ、Red_{IIB} は内側に位置させる事で矢じり形の Rieske-type Fd と相互作用し易くなっている可能性



が考えられた。

図 1 : Red_{IIB} の全体構造

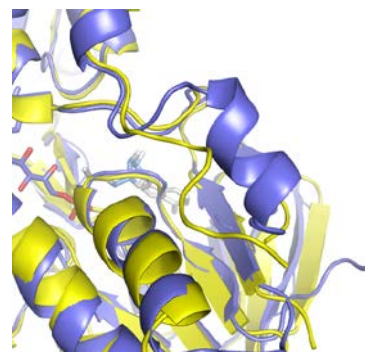


図 2 : 主鎖の位置が異なる領域。
青:Red_{IIA}、黄:Red_{IIB}。

4 まとめ

以上から、嵩の小さい Rieske-type Fd と相互作用する Red は相互作用領域が狭く、嵩高い proteo-type Fd と相互作用する Red は広い相互作用領域を持つ事が示唆された。

参考文献

[1] H. Nojiri. *Biosci. Biotechnol. Biochem.* **76**, 1-18 (2012).

* anojiri@mail.ecc.u-tokyo.ac.jp