

## 高度好熱菌由来アセチルトランスフェラーゼ TTHA1799 の結晶構造

村山和隆<sup>1,2</sup>、村山(加藤)美幸<sup>2</sup>、寺田貴帆<sup>2</sup>、竹本千重<sup>2</sup>、白水美香子<sup>2</sup>、横山茂之<sup>2,3</sup>

<sup>1</sup> 東北大学先進医工学研究機構、<sup>2</sup> 理化学研究所ゲノム科学総合研究センター、

<sup>3</sup> 東京大学大学院

タンパク質の修飾において、アセチル化は一般的なものの1つであり、アセチルトランスフェラーゼはすべての生物種において広く見られる酵素である。リボソームタンパク質 L12 においても N 末端アセチル化酵素 (NAT) が存在する。しかしながらそのアセチル化の機能については未だ不明な点が多い。大腸菌においては RimL タンパク質がその機能を担っており、サルモネラ菌由来の NAT は CoA との複合体で構造解析がなされている。また枯草菌由来の YdaF も NAT であると考えられている。

高度好熱菌由来 TTHA1799 は配列の解析から上記の YdaF などとの相同性も見いだされ、NAT であると予想されるタンパク質である。我々はこの TTHA1799 についてリボソームタンパク質のアセチル化の機構の解明を目指し構造解析を行なった。

タンパク質はネイティブ体ならびにヨウ素誘導体について調製・結晶化した。その後、ヨウ素誘導体について SAD データを測定し位相決定を行った。プログラム SOLVE/RESOLVE を用いて計算された電子密度は明瞭であり、引き続きモデルの構築ならびに構造精密化を行なった。ネイティブ構造についてはヨウ素誘導体で解析したモデルを用いて分子置換法により構造決定している。結晶構造は非対称単位中に 1 分子を含むが、分析超遠心では 2 量体となっており、2 量体としての機能が予想される。構造は配列の相同性と同様、YdaF タンパク質との類似が認められる。TTHA1799 は単体での結晶構造であるが、構造の比較により CoA 結合部位についての知見が得られている。