

タンパク質結晶構造解析

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8 由来 proline iminopeptidase-related protein の X 線結晶構造解析

岡井 公彦¹、宮内 裕美子¹、海老原 章郎²、李 愚哲¹、永田 宏次¹、田之倉 優¹
(¹東大・院農生科・応生化、²理研播磨)
Masahiko Okai¹, Yumiko Miyauchi¹, Akio Ebihara², Woo Cheol Lee¹, Koji Nagata¹,
Masaru Tanokura¹
(¹Appl. Biol. Chem., Grad. Sch. of Agric and Life Sci., Univ. of Tokyo, ² Harima Inst.,
RIKEN)

高度好熱菌 *Thermus thermophilus* HB8由来のTTHA1809はproline iminopeptidase-related proteinとアノテーションされているタンパク質である。プロリンイミノペプチダーゼはペプチドのN末端プロリンを除去するセリンプロテアーゼである。幅広い触媒作用、基質特異性を持った α/β hydrolase familyに属しており、アセチルコリンエステラーゼ、プロリンオリゴペプチダーゼ、ハロアルカンデハロゲナーゼ、ハロペルオキシダーゼ、エポキシドヒドラーゼ、ヒドロキシニトリルリアーゼなどを含む。

本研究ではTTHA1809の結晶構造をSAD法により、2.2 Åの分解能で決定した。TTHA1809は結晶中でモノマーとして存在していることが明らかになり、large domainとsmall domainより構成されていた。large domainはアミノ酸1-128と210-286より成り、典型的な α/β hydrolase foldを持っていた。small domainはヘリックスからのみ成るが、そのヘリックスの立体配置は特徴的なものであることが明らかになった。

立体構造の類似検索を行ったところ、*Thermoplasma acidophilum*由来F1(プロリンイミノペプチダーゼ)と最も類似していることが明らかになった。F1は活性部位にAsp-His-Serのcatalytic triadを保持しており、活性部位の重ね合わせを行った結果、AspとHisはほぼ同じ位置に存在していたのに対し、SerはTTHA1809でGlyに置換されていた。このことからTTHA1809はプロリンイミノペプチダーゼとは異なる機能を持っていると考えられる。