

Cold-shock protein RbfA とリボソーム複合体の構造解析

竹本千重¹, 川添将仁¹, Partha P. Datta², Daniel N. Wilson³, Neil K. Swami², 上西達也¹, Manjuli R. Sharma², Timothy M. Booth², Paola Fucini⁴, Rajendra K. Agrawal^{2, 5}, 横山茂之^{1, 6}

¹理研・GSC, ²ニューヨーク州保険局, ³ミュンヘン大, ⁴フランクフルト大, ⁵ニューヨーク州立大, ⁶東大・院理

リボソームは、蛋白質合成をつかさどる RNA-タンパク質複合体で、バクテリアでは、30S と 50S というふたつのサブユニットが会合して、分子量約 2.7MDa の 70S リボソームを形成している(S は沈降係数)。30S サブユニットは、1 分子の RNA (16S rRNA) と 21 の蛋白質から構成されている。リボソーム RNA は、プロセッシングを受けながら蛋白質と会合し、未成熟型から成熟型へと構造変化を起こす。Ribosome-binding factor A (RbfA) は、低温シフトによって発現が誘導される分子量 15 kDa の cold-shock protein であるが、常時発現しており、その遺伝子の変異株では、16S rRNA の前駆体(17S RNA)が蓄積する。同様の現象は、16S rRNA の 5'末端の helix 1 における C23U 変異株でも起こることから、RbfA は、低温適応に必要な cold-shock protein であり、16S rRNA 成熟に重要な因子であると考えられている。しかし、RbfA のリボソーム中での結合位置やその作用機序は推測の域を出ていなかった。我々は構造情報に基づいて、その作用機構を解明するために、高度好熱菌 *T. thermophilus* HB8 由来の RbfA と 30S 複合体の構造解析を行った。

まず RbfA 単体の結晶構造については、Photon Factory BL-5A で X 線回折実験を行い、1.8 Å 分解能で決定したところ、helix-kink-helix 構造と RNA 結合部位を示唆する表面電荷の偏りを持っていた (PDB: 2DYJ)。次に、30S のみと RbfA-30S 複合体の極低温電子顕微鏡像を得て、差分の電子密度に、RbfA の結晶構造をフィッティングすることによって得た RbfA-30S 複合体の構造に基づき、リボソームの成熟における RbfA の役割について議論する。