

古細菌 *Methanococcus jannaschii* 由来 TATA ボックス結合因子 (TBP)の立体構造解析

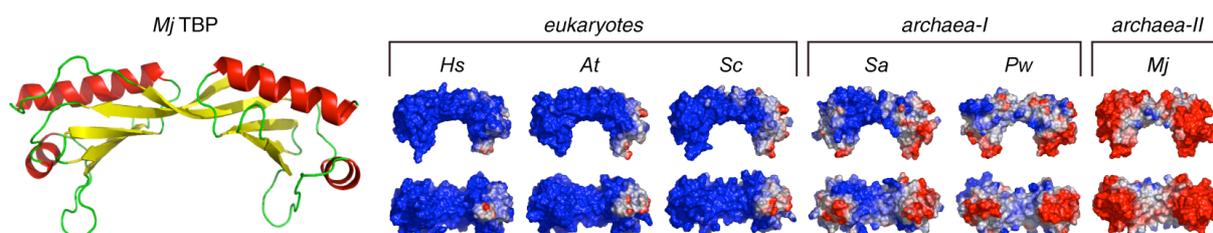
○安達成彦<sup>1</sup>、千田美紀<sup>1</sup>、夏目亮<sup>1</sup>、千田俊哉<sup>2</sup>、堀越正美<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>JBIC、<sup>2</sup>産総研・BIRC、<sup>3</sup>東大・分生研)

古細菌の転写反応系は、真核生物型の転写装置と真正細菌型の転写調節因子から構成されている。異なる起源に由来する古細菌の転写装置と転写調節因子は、機能的に相互作用するために、真核生物とも真正細菌とも異なった分子表面を進化的に獲得していることが予想される。従って、古細菌の転写装置と転写調節因子の分子間相互作用の研究は、転写反応の進化を解析する上で非常に重要な研究対象である。とりわけ、転写装置の中心因子 TATA ボックス結合因子 (TBP) は真核生物と古細菌において転写開始反応に必須な因子である。TBP は 1 次構造上の特徴から真核生物型・古細菌 I 型・古細菌 II 型の 3 種類のグループに分けられるため、3 種類の TBP の比較研究は、転写装置と転写調節因子の分子間相互作用を研究する上で極めて重要である。しかし、これまでに古細菌 II 型 TBP の立体構造は解析されていなかった。

本発表では古細菌 II 型に属する *Methanococcus jannaschii* 由来 TBP の立体構造を解析したので報告する [Adachi et al., Genes Cells (2008)]. アミノ酸配列の保存性を立体構造にあわせてみると、3 つのグループを通じて高度に保存された分子表面の残基は DNA との相互作用に重要な残基であった。また、グループ特異的に保存された表面は TFIIB との相互作用に重要な残基であり、TBP と TFIIB の進化系統樹解析から、両者がグループに応じて協調的に進化してきたことを示す。その一方で、各生物種に特異的な分子表面は、これまで解析された真核生物型 TBP (塩基性) や古細菌 I 型 TBP (塩基性と酸性が混在) と古細菌 II 型 TBP では大きく異なり、古細菌 II 型 TBP の分子表面は、DNA 結合蛋白質としては珍しく酸性に富んでいた。このようなグループごとに異なる分子表面が、TBP の有する転写制御能の多様性を担っているのだろう。

Figure. *M. jannaschii* TBP の立体構造と生物種の違いによる分子表面の性質の差異



Reference

Adachi, N. et al. (2008). Genes Cells 13, 1127-1140.