

X線と電顕を使ったタンパク質構造解析 —間接合成経路を用いた Cys-tRNA^{Cys} 合成に必要である Transulfursome の構造変化—

姚 閔

北海道大学大学院 先端生命科学研究院

構造生命科学の進展とともに、X線電子自由レーザー利用の実用化、クライオ電子顕微鏡によって近原子分解能の解析が可能になってきた。これまでの構造生物学的な研究は、X線結晶構造解析を中心としたスタイルから多次元的なアプローチに変わりつつある。タンパク質構造・機能相関の研究も、精密的に、動的（時間・空間）に、ネットワーク的に解析することが求められている。最近、私たちは、間接合成経路を用いた Cys-tRNA^{Cys} 合成に、2段階の反応をそれぞれ触媒する2個の酵素（SepRS, SepCysS）と1個の新規のタンパク質（SepCysE）^[1]から形成された複合体（分子量=540kDa）が存在することを明らかにし、transulfursome と命名した。SepCysE と類似性の高いタンパク質は他に存在せず、SepCysE の機能および構造についてはまったく未知であり、transulfursome がどのように一連の反応を完成するかも不明であった。そこで、私たちは、transulfursome のサブユニットの X線結晶構造解析を行い、得られた構造情報を手がかりとした機能解析のアプローチで、SepCysE の構造機能の相関を明らかにした。また、X線構造解析を中心とする研究に X線小角散乱法電子顕微鏡の解析を加え、transulfursome が機能するための動的な分子基盤を持つことを明らかにした^[2]。本発表は、それらの解析と結果を紹介し、X線とクライオ電子顕微鏡により解析した transulfursome の構造機能の相関について議論する。

参考文献

- [1] Yuchen Liu, *et. al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **111**, 10520-10525 (2014)
- [2] Meirong. Chen, *et. al.*, *Nature Communications*. **8**, 1512-1532 (2017)