

29【P1】 I -072

高度好熱菌由来リボソーム蛋白質 L16 の溶液構造解析

○西村 光広¹, 吉田 卓也¹, 白水 美香子^{2,3}, 寺田 貴帆^{2,3}, 倉光 成紀^{4,5}, 横山 茂之^{2,3,5,6}, 大久保 忠恭¹, 小林 祐次¹(¹阪大院薬,²理研 GSC,³理研播摩,⁴理研情報伝達,⁵阪大院理,⁶東大院理)

【目的】リボソーム蛋白質 L16 はバクテリアリボソーム 50S サブユニットのアミノアシル tRNA 結合部位に位置し、この部位の rRNA の立体構造を維持する必須の構成因子であるが、その詳細な構造はまだ明らかになっていない。そこで我々は L16 蛋白質単体の構造解析を行い、rRNA、tRNA、抗生物質と相互作用する可能性のある残基を調べた。

【方法】*Thermus thermophilus* 由来 L16 蛋白質の発現プラスミドを使って、¹³C/¹⁵N ラベルした L16 蛋白質を大腸菌で発現させ、精製した。600MHz の NMR 装置を用いて、L16 蛋白質の主鎖および側鎖のケミカルシフトを帰属し、NOE 情報から溶液中での構造を決定した。この構造をリボソーム結晶構造中の L16 蛋白質 C α モデルに重ね合わせることで結合モデルを作成した。

【結果および考察】L16 蛋白質は溶液中では、N 末端と一つのループ部分で構造をとっていたが、その他の部分ではリボソーム中で決定された C α モデルと非常に良く一致する構造をとっていた。結合モデルでは、rRNA と接近する残基が L16 蛋白質の広い部分にわたって確認された。それらの残基は 6 つの異なる領域にある rRNA 構造と相互作用することが示唆され、L16 蛋白質による rRNA 高次構造の維持作用が裏付けられた。抗生物質 avilamicin および evernimicin に耐性を生じると知られている変異の位置を調べたところ、それらの残基の側鎖はリボソームの内部に露出しており、これらの残基が抗生物質との相互作用に直接関与する可能性が示された。また、その変異部位の一つである Arg56 はアミノアシル tRNA と近接する位置にあり、tRNA の結合に関与する残基であるとわかった。