

29【F】1535

ジンクフィンガープロテインの構造と機能  
Structure and function of zinc-finger proteins

○杉浦 幸雄<sup>1</sup>(<sup>1</sup>京大化研)

ヒト・ゲノム配列の解析から、情報遺伝子（タンパク質をコード）の約 1%は亜鉛フィンガータンパク質をコードし、特に第 19 番染色体では 8%にも及ぶ極めて普遍的なタンパク質と考えられる。亜鉛フィンガーは転写因子、ホルモン受容体、ポリ（ADP-リボース）ポリメラーゼ、プロテインキナーゼ C、レトロウイルスタンパク質など重要な生物機能を有するタンパク質中に発見されている。亜鉛フィンガーは単純な $\beta\beta\alpha$ 構造を持ち、亜鉛を取り囲んでいる配位子によって、 $C_2H_2$ 型（C：システイン、H：ヒスチジン） $C_3H$ 型、 $C_4$ 型、 $C_6$ 型など幾つかのタイプに分類される。中でも、転写因子に多く見られる典型的な  $C_2H_2$ 型では、亜鉛フィンガーは柔軟な連結部で直列につながれ、それぞれ独立した“読み取りヘッド”として機能するとともに、マルチ亜鉛フィンガーでは DNA 認識において相補性・共同性により遺伝子結合の親和性や選択性の向上に寄与している。本シンポジウムでは、このような天然亜鉛フィンガータンパク質の構造と機能について議論するとともに、ヒト・植物・微生物・ウイルスなどの遺伝子発現の制御を目指した人工亜鉛フィンガータンパク質の設計・創製についても論じる。