

【目的】ヘビ毒中には様々な生物活性を有する蛋白質が存在する。動物界に広く存在する C 型レクチンに相同な構造を持つ C 型レクチン様ドメインは、ヘビ毒蛋白質を構成する基本的モチーフの一つであり、ハブ毒より単離された抗凝固蛋白質である血液凝固 IX 因子/X 因子結合蛋白質(IX/X-bp)を始めとして、レクチン活性を持たない C 型レクチン様ドメインのヘテロダイマー(CLPs)が多数報告されている。IX/X-bp の X 線結晶構造解析により、二つの相同なドメインが互いに一部を交換した特徴的「ドメインスワッピング」構造が明らかにされ、この機構による機能の多様化が注目されている。IX/X-bp の cDNA クローニングにより、CLPs の二つのドメインが別々の遺伝子にコードされ、翻訳後に二量体化することが明らかになっているが、CLPs 遺伝子の構造は未だ明らかにされていない。今回、CLPs 発現機構の解明を目的として、IX/X-bp A 鎖遺伝子の構造を解析した。

【方法】ハブ血液より DNA を抽出した。これを鋳型とし、cDNA の塩基配列をもとに設計したプライマーを用いて LA-PCR を行った。得られた 1,000~2,000bp の PCR 断片を pCR4-TOPO ベクターにクローニングし、塩基配列を解析した。

【結果及び考察】ゲノム DNA を鋳型とした PCR 断片の塩基配列と、IX/X-bp A 鎖 cDNA の塩基配列を比較することにより、IX/X-bp A 鎖遺伝子が全長約 5.3 kbp であること、及び 6 つのエキソンからなることが判明した。これまでに報告されている種々の動物 C 型レクチン蛋白質の遺伝子のなかで、ヒト等の膵臓から単離された蛋白質 lithostathine 遺伝子に最も近縁であることが判った。