

テーマ 1-1-2, 1-2-1, 1-3-2

## NMR による大腸菌転写因子 PhoB の DNA 結合ドメインの解析

(財)木原記念横浜生命科学振興財団 岡村 英保

原核生物では多様な外界の刺激に対応するために、刺激を感知するセンサータンパク質とその情報を受け取り転写因子などとして応答するレギュレータータンパク質という 2 種類のタンパク質による情報伝達系が広く存在し、二成分制御系と総称されている。大腸菌では、培地中のリン酸が不足すると、少ないリン酸を有効に利用するために一群の遺伝子群が発現する。PhoB タンパク質は、これらの遺伝子群の発現を制御するレギュレータータンパク質である。PhoB は分子量 26 kDa で、229 アミノ酸残基からなるタンパク質であり、N 末端側にリン酸受容ドメイン、C 末端側に DNA 結合ドメインのほぼ大きさの等しい二つのドメインから構成されており、PhoB 様のタンパク質は原核生物においてファミリーを形成している。PhoB の DNA 結合ドメインに関して、単独と DNA 複合体それぞれで立体構造が報告されている。しかしながら、我々は溶液中での PhoB の DNA 結合ドメインの構造を詳細に調べた結果、タンパク質内部の構造に多形があることがわかった。よく知られているように、実際のタンパク質の立体構造は運動性をもったフレキシブルなものである。さらに、これまでに多くのタンパク質で、その運動性と機能との相関が指摘されてきた。そこで、我々は PhoB の DNA 結合ドメイン（単独、DNA 複合体）の主鎖アミノ基 15N、側鎖メチル基 C1H22H の 2H に対して NMR 緩和測定、モデルフリー解析を行って、オーダーパラメーター  $S^2$  などの運動パラメーターを得た。その結果、得られた運動パラメーターは分子内部の疎水性コアにおいて不均一な分布を示し、その分布は DNA 結合などの機能との強い相関を示していることがわかった。

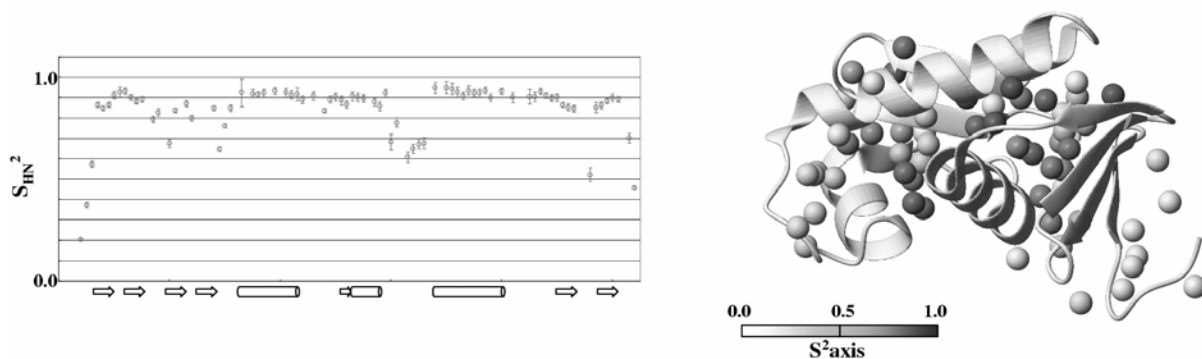


図 NMR により得られた主鎖および側鎖のオーダーパラメーター  $S^2$