

ユーチレナ類 *Euglena gracilis* の膜内在性タンパク質 IP39 は 2 タイプ存在する
末友 靖隆^{1,2}, 竹内 恭平³, 洲崎 敏伸⁴ (¹神戸大学大学院自然科学研究科, ²岩国市立ミクロ生物館, ³神戸大学理学部、⁴神戸大学大学院理学研究科)

Two types of intramembrane proteins IP39 are present in the plasma membrane of
Euglena gracilis

Yasutaka SUETOMO^{1,2}, Kyohei TAKEUCHI¹ and Toshinobu SUZAKI¹ (¹Dept. Biol., Grad. Sch. Sci.,
Kobe University, ²Iwakuni City Microlife Museum)

SUMMARY

Flagellates of the genus *Euglena* perform a characteristic movement called euglenoid movement. The intramembrane proteins, called IP39, which are regularly and densely arranged in the plasma membrane of *Euglena gracilis*, have been implicated in this movement. In this study, we cloned two types of cDNAs that encode IP39, and predicted their amino acid sequences. Northern and western blot analysis confirmed that both cDNAs encode IP39. Consequently, we called these proteins α - and β -IP39, respectively. The α - and β -IP39 proteins consist of 264 and 265 amino acid residues, respectively. Differences between the predicted amino acid sequences were restricted to the C-terminal region, except for two residues in the middle part. The predicted amino acid sequences were analyzed using

various programs (ALL IN ONE SEQ-ANALYZER, BLAST, SOSUI, The Predict Protein Server, MOTIF, NetOGlyc3.1, NetNGlyc1.0, ProtParam, NetPhos analysis, iPSORT and DISULFIND). The molecular weights of both IP39 were predicted to be 29-kDa, and both IP39 proteins were predicted to contain four transmembrane domains. A homology search of cDNA sequences showed that there was no significant sequence homology with any other known proteins. This result indicates that both types of IP39 are novel proteins that have not yet been reported. Additionally, both IP39 were similar to claudin, which is an approximately 23-kDa transmembrane protein found in the tight junction of mammalian cells.

[目的] ユーグレナ類の鞭毛虫の多くはユーグレナ運動と呼ばれる特徴的な細胞変形運動を行う。この運動の機構として、原形質膜の伸縮がユーグレナ運動を引き起こすという仮説¹⁾が提唱されている。この仮説では、原形質膜に規則的かつ密に配列する膜内在性タンパク質IP39の構造変化が原形質膜の伸縮に関与すると考えられている。近年、哺乳類内耳外有毛細胞の原形質膜中に局在し、IP39と同様、膜上に規則的かつ密に配列している膜貫通型タンパク質prestinが、その構造を変化させることで原形質膜を直接伸縮させることができ明らかとなり^{2,3)}、局在性が似るIP39にも同様の機能が存在する可能性が高まった。そこで本研究では、IP39遺伝子のcDNAクローニングと塩基配列の決定、ならびに種々の免疫学的解析や構造解析を行った。

[方法] IP39のN末端配列情報を基に縮重プライマーを設計し、cDNAクローニングを行った。塩基配列、アミノ酸配列の各種解析には ALL IN ONE SEQ-ANALYZER、BLAST、SOSUI、The Predict Protein Server、MOTIF、NetOGlyc3.1、NetNGlyc1.0、ProtParam、NetPhos analysis、iPSORT、DISULFINDの各解析プログラムを用いた。Trypsinやpapainで加水分解される領域、既知の脂質修飾部位は、既知の各標的配列情報から決定した。DNAプローブは両IP39の3'非翻訳領域を、抗ペプチド抗体は両IP39のC末端付近の配列の違いを利用して設計した。免疫電顕解析、免疫プロット解析、ノーザンプロット解析、各種電気泳動は一般的な方法をベースに行つた。

[結果と考察] IP39の縮重プライマーから2タイプのcDNAが増幅された。各ORFはそれぞれ792 bp、795 bpであり、塩基配列の違いは全体にみられ、相同意は約88%であった。推定アミノ酸配列の相同性は約94%であり、配列の違いはC末端付近に偏っていた。両cDNAがmRNAレベルで細胞内に発現していることがノーザンプロット解析で、タンパク質レベルで細胞表層に局在していることが免疫プロット解析で、それぞれ確認されたため、これらのタンパク質をそれぞれα-IP39、β-IP39と命名した。両IP39の分子量は約29 kDaであり、SDS-PAGEによる見かけの分子量である39 kDaより小さなものとなつたが、この原因としてはN型糖鎖の結合が考えられた。2次構造予測の結果、両IP39とともにN末端、C末端が細胞質側に存在する4回膜貫通型タンパク質

であると推定された。また、細胞外露出部位に共有結合サイトが4ヶ所、C末端細胞内露出部位に1ヶ所のPKC標的リン酸化部位が見出された。ユーグレナ運動の原動力は細胞表層に存在し、運動にはCa²⁺とATPが必要である^{4,5,6)}ことから、PKC標的リン酸化部位を持つIP39はユーグレナ運動において重要な機能を持つと考えられる。さらに、IP39は多量体を形成する^{7,8)}が、免疫プロット解析の結果、多量体形成にはα-IP39、β-IP39が共に関与しており、IP39が持つ共有結合サイトは多量体形成には関与しないことが示唆された。細胞表層膜骨格構造の主要構成タンパク質articulinとIP39との結合性、それにIP39の持つきり活性は、膜分画に対するtrypsin処理では失われないが、papain処理では消失する⁹⁾。Papain標的残基はIP39のアミノ酸配列全体に存在するが、trypsin標的残基は第4膜貫通領域手前からC末端にかけて存在しないため、C末端細胞内露出部位にこれらの活性が存在すると考えられる。加えて、両IP39と密着結合主要構成4回膜貫通型タンパク質claudinとの間に、claudin family signatureと細胞外ループ構成アミノ酸配列全体で類似性がみられた。Claudinでは、family内のclaudinどうしが共重合してストランドを形成し、これがヘテロフィリックに接着し合うことで密着結合が形成されると考えられている^{10,11)}。また、claudinの配列は原形質膜直下のZO-1タンパク質とC末端領域で結合することでもたらされている^{12,13)}。IP39の規則的な配列は、IP39と結合しているarticulinによるものかもしれない。IP39はフリーズフラクチャーE面に偏在する^{7,8)}が、今回、両IP39の細胞外、細胞内露出部位の構成アミノ酸数の差は殆ど無いことが明らかとなった。このことは、両IP39が細胞外露出部位で相互に強固な結合を形成している可能性を示唆している。今後は、α-IP39とβ-IP39がどのように多量体構造や細胞表層構造を形成し、ユーグレナ運動時にその構造を変化させているか調べることで、IP39の原形質膜伸展機構を解明したい。

[文献]

- 1) Suzaki, T. and Murata, K. (1997) 10th international congress of protozoology. Abstr., pp.192.
- 2) Zheng, J. et al. (2000) Nature, 405, 149-155.
- 3) Dallos, P. and Fakler, B. (2002) Audiol. Neurotol., 7, 9-12.
- 4) Suzaki, T. and Williamson, R. E. (1985) Protoplasma, 124, 137-146.

- 5) Suzaki, T. and Williamson, R. E. (1986) *J. Cell Sci.*, 80, 75-89.
6) Murata, K. and Suzaki, T. (1998) *Protoplasma*, 203, 125-129.
7) Dubreuil, R. R. et al. (1988) *J. Cell Biol.*, 107:191-200.
8) Murata, K. et al. (2000) *Protoplasma* 214:73-79
9) Rosiere, T. K. et al. (1990) *J. Cell Biol.*, 110:1077-1088.
10) Kubota, K. et al. (1999) *Curr. Biol.*, 9, 1035-1038.
11) Furuse, M. et al. (1999) *J. Cell Biol.*, 147, 891-903.
12) Itoh, M. et al. (1999) *J. Cell Biol.*, 147, 1351-1363.
13) Ikenouchi, J. et al. (2007) *J. Cell Biol.*, 176, 779-786.