## Class II/III CPD光回復酵素の電子移動反応の理論研究

<sup>1</sup>JSTさきがけ、<sup>2</sup>筑波大・計算セ、<sup>3</sup>理研BDR 〇鬼頭(西岡)宏任<sup>1,2</sup>,原田隆平<sup>2</sup>,佐藤竜馬<sup>3</sup>,重田育照<sup>2</sup>

## Theoretical Study on Electron Transfer Reactions in Class II/III CPD Photolyases

OHirotaka Kitoh-Nishioka<sup>1,2</sup>, Ryuhei Harada<sup>2</sup>, Ryuma Sato<sup>3</sup>, Yasuteru Shigeta<sup>2</sup>
<sup>1</sup> Japan Science and Technology Agency (JST)-PRESTO
<sup>2</sup> Center for Computational Sciences, University of Tsukuba, Japan
<sup>3</sup> RIKEN-BDR, Japan

**[Abstract]** We study the photoactivation process in a "class III CPD" photolyase termed photolyase-related protein A (PhrA) of *Agrobacterium tumefaciens* by using molecular dynamics (MD) simulations. It has been believed that the photoactivation processes in DNA photolyases and cryptochromes involve the electron transfer (ET) reactions through a conserved triad of tryptophan (W) residues between a fully oxidized flavin adenine dinucleotide (FAD) cofactor and protein surface. Recent X-ray crystal structure analysis revealed that PhrA possesses an alternative W triad in addition to the conserved W triad. Our simulation examines how and whether the alternative W triad works as the ET pathways.

【序】 クリプトクロム・DNA 光回復酵素ファミリー(cryptochrome/photolyase family, CPF)では、補欠分子の FAD が光還元される際、まず FAD と近接するトリプトファン (W)の間でサブピコ秒の電子移動(ET)反応がおこる。次に、最初の電荷分離で生じた ホール(正孔)を、遺伝的に高く保存された三つ組トリプトファン(Trp-triad)を使って、 蛋白質表面に高速(数百ピコ秒)で移動させ、最終的に細胞液中の還元物質によって還 元されると考えられている。一方、Trp-triad を別のアミノ酸に置換した変異株を作成 した場合でも、種によっては FAD が光還元され、生体機能も阻害されないことが報告されており、Trp-triad の ET 経路としての役割については未だ不明な部分が多い。

2015 年に X 線結晶構造が報告された[1]アグロバクテリアの photolyase-related protein A(PhrA)は、CPF を大きく7つ分類した場合に唯一 X 線結晶構造が解かれていなかった "class III CPD"光回復酵素に属している。PhrA の構造解析から、従来から知られている Trp-triad(W384-W361-W308)とは別の Trp-triad(W384-W318-W367)が、活性中心から蛋白質表面に存在することが分かり、代替の電子移動経路としての役割が注目されている。(図1(a))本講演では、これら2つの Trp-triad が ET 経路としてどのように機能するのか、計算機シミュレーションを用いて解析した結果を報告する。



Figure 1 (a) Plausible ETs through two Trp-triads. (b) Simulation protocol for sampling

【方法】Trp-triad 中の各電子移動(ET)反応を Marcus の速度式(1)を基に解析する。

$$k_{i,j} = \frac{2\pi}{\hbar} \frac{1}{\sqrt{4\pi\lambda k_{\rm B}T}} |T_{i,j}|^2 \exp\left[-\frac{(\Delta G + \lambda)^2}{4\lambda k_{\rm B}T}\right] \quad (1)$$

酸化還元中心の電荷状態が、FAD-W neutral、FAD<sup>-</sup>·-W384<sup>+</sup>、FAD<sup>-</sup>·-W361<sup>+</sup>、FAD<sup>-</sup>·-W308<sup>+</sup>、FAD<sup>-</sup>·-W318<sup>+</sup>、FAD<sup>-</sup>·-W367<sup>+</sup>の場合をそれぞれ、GS、CT1、CT2、CT3、CT4、CT5 と呼ぶ。また、W384-W361 間、W361-W308 間、W384-W318 間、W318-W367 間の電子移動を ET12, ET23, ET14, ET45 と名付ける。

式(1)中の自由エネルギーギャップ( $\Delta G$ )と再配置エネルギー( $\lambda$ )は、電子移動による 分極変化に対する線形応答を仮定すると、分子動力学(MD)シミュレーションから得 られるエネルギーギャップの揺らぎのアンサンブルから以下の式(2)(3)を使って評価 することができる。[2,3]  $\Delta G = \frac{1}{2} (\langle \Delta E \rangle_i + \langle \Delta E \rangle_j)$  (2),

$$\lambda = \frac{1}{2} \left( \langle \Delta E \rangle_i - \langle \Delta E \rangle_j \right) \quad (3)$$

ここで( $\Delta E$ )<sub>x</sub> = ( $E_j - E_i$ )<sub>x</sub>で、()<sub>x</sub>は電荷状態xでの MD トラジェクトリー上のアンサ ンブル平均を意味する。 $E_i$ は電荷状態iでの系のポテンシャルエネルギーである。

PhrA 結晶構造を一辺 105Åの TIP3P water cubic box に配置し、T=300K の NPT アン サンブルで、東工大スパコン TUBAME3.0 上の GPU 版 NAMD プログラムによる MD シミュレーションを実行した。蛋白質には CHARMM36 力場を、FAD の力定数、平衡 長パラメータは過去の文献[4]のものを採用し、酸化/還元型 FAD と W カチオンラジ カルの電荷は B3LYP/cc-pVDZ 計算から得られた RESP 電荷により決定した。

Trp-triad 中の ET 反応は数百ピコ秒と高速であるため、一部の遅い蛋白質の振動モードは、反応の終了までに緩和しきることができず、光誘起電荷分離直後から凍結されていると考えられる。そのような効果を有効的に取り込むため、文献[3]を参考にして、式(2)(3)で用いる電荷状態(CT1~CT5)のサンプリング構造を図 1(b)で示したように作成した[3]。光誘起電荷分離はサブピコ秒と非常に高速なため、GS の MD トラジェクトリーで代用し、500ps 間隔の 41 点で位置と速度はそのままに、電荷のみを GS から CT1 へと切り替えた。そのため、五つの各電荷状態で41×500ps の NPT アンサンブル MD シミュレーションを行ったことになる。



Figure 2 ET parameters of  $\Delta G$  and  $\lambda$  as a function of simulation length.

シミュレーション時間長に対して $\Delta G$ と $\lambda$ を式(2)(3)を用いて計算し、41 個のトラジェ クトリーで平均したものを図(2)にプロットしている。ET12、E23、ET45 では $\Delta G$ が負 の値を持つ発熱反応になるが、ET14 は $\Delta G$ が正の値を持つ吸熱反応になり、代替経路 の入り口の ET 反応は起きづらくなっている。両経路とも蛋白質表面に近い ET 反応 が、極性の高い水分子から影響を受け大きな $\lambda$ 値を持つ。また、従来の Trp-triad ET 経 路と比べ、代替 Trp-triad ET 経路では $\lambda$ が小さくなっていることが分かった。

【参考文献】[1] P. Scheerer et al. J. Biol. Chem. 290, 11514 (2015).

[2] G. King and A. Warshel J. Chem. Phys. 93, 8682 (1990).

[3] F. Cailliez et al. J. Am. Chem. Soc. 138, 1904 (2016).

[4] P. L. Freddolino et al. Photochem. Photobiol. Sci. 12, 1158 (2013).