

## ε subunit ( 続き )

*Spo*

	500	510	520	530	540	550
<i>Spo</i>	FIPFARRDSANTINSEDFDEGD...	NKFAQQSLERAF	ENHQI	IAAEELNLTLM	MANNYH	VRS
<i>Sce</i>	MSVNSIYTDRE.BIDS.EFEDED...	SEKEGIAIVERAME	NNHDL	TALLELNTLR	SMNV	TYHVR
<i>Ath</i>	VPTSGLKSDADSINTDVNDPNDDYY	EKEVEGTVLRAVE	ENIKV	DLVTMEINGLRL	SFNM	ESACAG
<i>Cel</i>	GVGNSST.....KMH	EHDEVLESMQKIL	ES	SLMRNLILEINSSKL	ACNV	TMDVAR
<i>Dme</i>	ISYCSDFSEDDEDASRAVTPLPDDTNI	ELGEVIDSLTRGFR	EKSNP	DFLVEINSSRY	AYNMS	SLKEVNF
<i>Dre</i>	DSESIVSEGHDPGSHPPSPBLDDVKV	QNEVHGTLRGLD	ENIGC	DNLVEINSLKY	AYNIT	TLKEVMQ
<i>Hsa</i>	ESESQSMDSSEEPDSRGGSPQMDDIKV	QNEVVLGTLRGKE	ENISC	DNLVEINSLKY	AYNIS	SLKEVMQ

*Spo*

	560	570	580	590	600	610
<i>Spo</i>	AIIVLALLRRIMHLDV	S.....PKEA	LAKVMTRWGPI	LAKLTFSSHEEQ	VDNVL	TLQKYCVR
<i>Sce</i>	ATITALLRRVYHFIAT	QT..LGPKDA	VVKVFNQWGL	LFKRQAFDEEY	IDLMNI	IMEKIVE
<i>Ath</i>	ATFFSMIKKLALDTPH	NSG..SELYKN	AASITIKWKD	LLGFYAKKIDEQ	IEVIM	KFFEEMQES
<i>Cel</i>	NVFAAFMKLKHNDNF	N.....KMKEL	IVKWQPL	FLNYYKTSAES	LKVKS	ADQKRFL
<i>Dme</i>	NVVKAVFGMQSIVEP	ANDN...VLVA	INAAFKQLGPI	VSNYIKSEDSM	MDCL	KALEDVYEE
<i>Dre</i>	ILMRVLEFPLHQQG	VEITTAQYSAH	LPLLLKKWAP	VFKNYVKRPQDQ	MDCL	TSMEEVFLE
<i>Hsa</i>	VLSHVLEFPLQQMD	SPLDSSRYCAL	LPLLLKAWSL	VFRNYIKRAADH	LEAL	LAIEDFFLE

*Spo*

	620	630	640	650	660	670
<i>Spo</i>	FLQLLGYFYQLE...	IAEENAIQEWYS	PRSSSEG	.....ELAALRDAGGKQF	VDWLN	TAESESE
<i>Sce</i>	LFSAIVSLYDND...	IIIEEVIYKWDN	VSTDP	.....RYDEVKKLTVK	WVWLN	QNADEESS
<i>Ath</i>	FTQIILHLLYDKD...	VLQEDAILRWEE	E.KAGAD	.....EADKVYLKQCDTF	IQLWL	KEASEEED
<i>Cel</i>	LLLAIEDKFDREDSFG	VKAQALVHYLYQ	ADILDEDS	II EWAGSIAEES	KLKGLMKKI	VDWLQEDDDEE
<i>Dme</i>	ISQIVHYLYDKD...	FVSESAIQAWYA	QLDEEH	.....AHLR...QSLAKL	VAWLD	QSSSEEDD
<i>Dre</i>	LVKVI MNMYQLE...	ILEEDVIMRWFT	QSSTTDK	.....SQKLRTNAGLLKF	IQLWLE	EAESSSD
<i>Hsa</i>	MAKVI MAFYQLE...	LLAEETILSWFS	QRTTDK	.....GQQLRKNQQLQRF	IQLWL	KEAESESS

*Spo*

<i>Spo</i>	SEEGSE.....
<i>Sce</i>	SEEE.....
<i>Ath</i>	EDDEDEEEEDN
<i>Cel</i>	SEDE.....
<i>Dme</i>	DEEDDD.....
<i>Dre</i>	ED.....
<i>Hsa</i>	EDD.....

図 3-2. eIF2B 各サブユニットの配列比較. ( 続き )

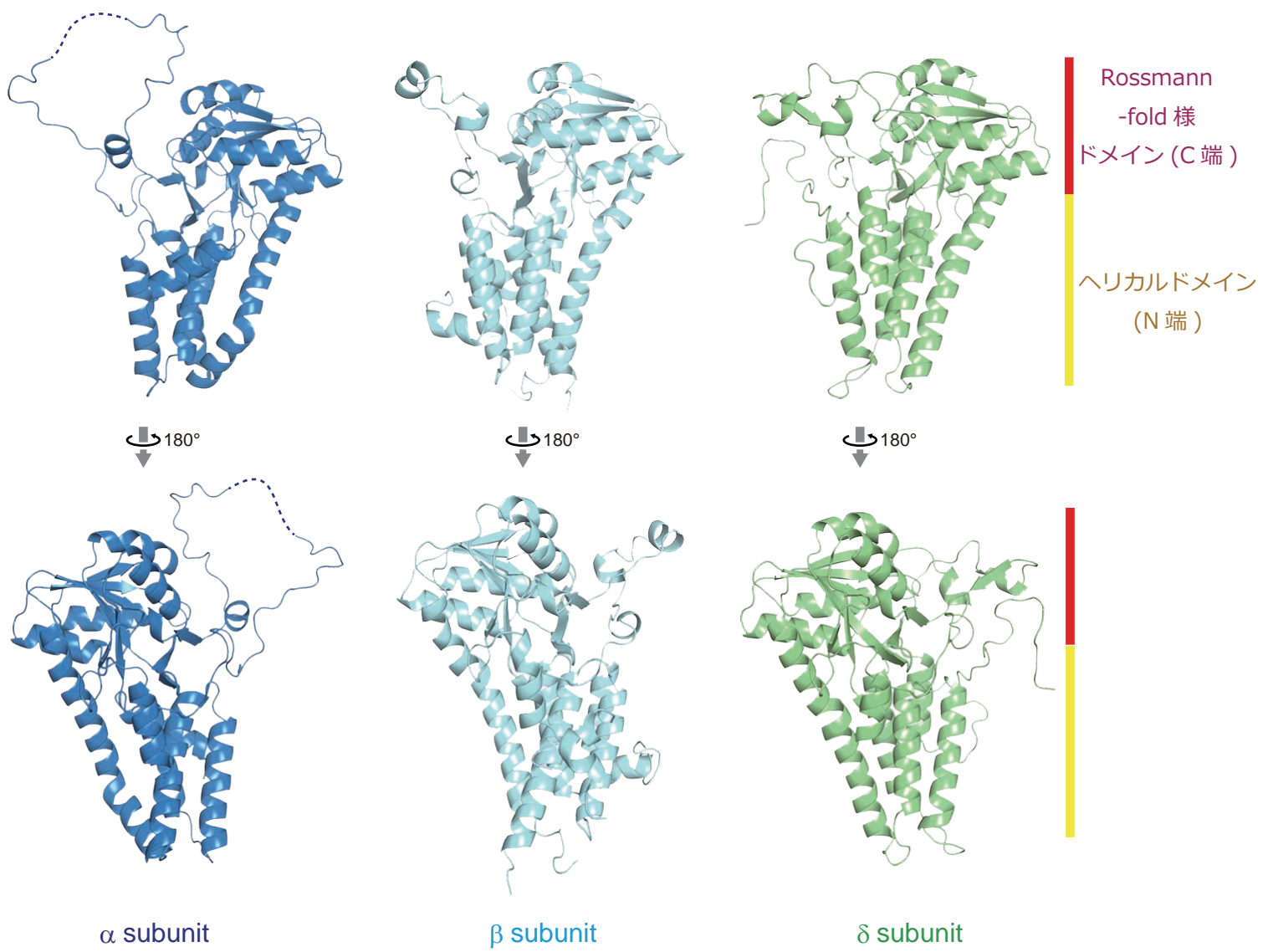


図 3-3. 調節サブユニットの構造 .

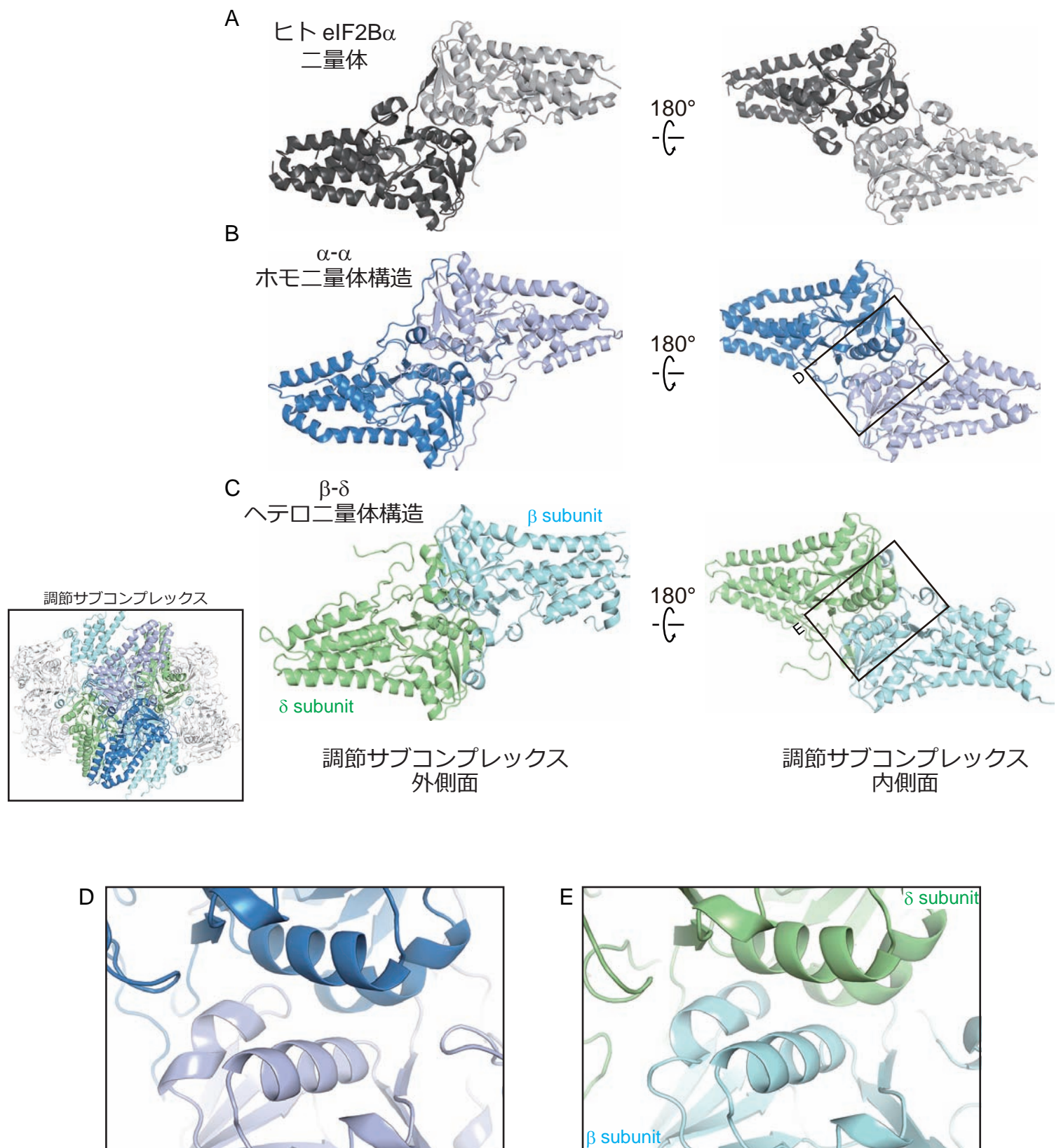


図 3-4. 調節サブユニットの二量体構造の形成 .

(A) ヒト eIF2B $\alpha$  単独構造 (PDBID: 3ECS) 中でみられる二量体構造 .

(B) eIF2B 構造中の  $\alpha$ - $\alpha$  ホモ二量体構造 .

(C) eIF2B 構造中の  $\beta$ - $\delta$  ヘテロ二量体構造 .

(D)  $\alpha$ - $\alpha$  ホモ二量体構造のサブユニット間相互作用 .

(E)  $\beta$ - $\delta$  ヘテロ二量体構造のサブユニット間相互作用 .



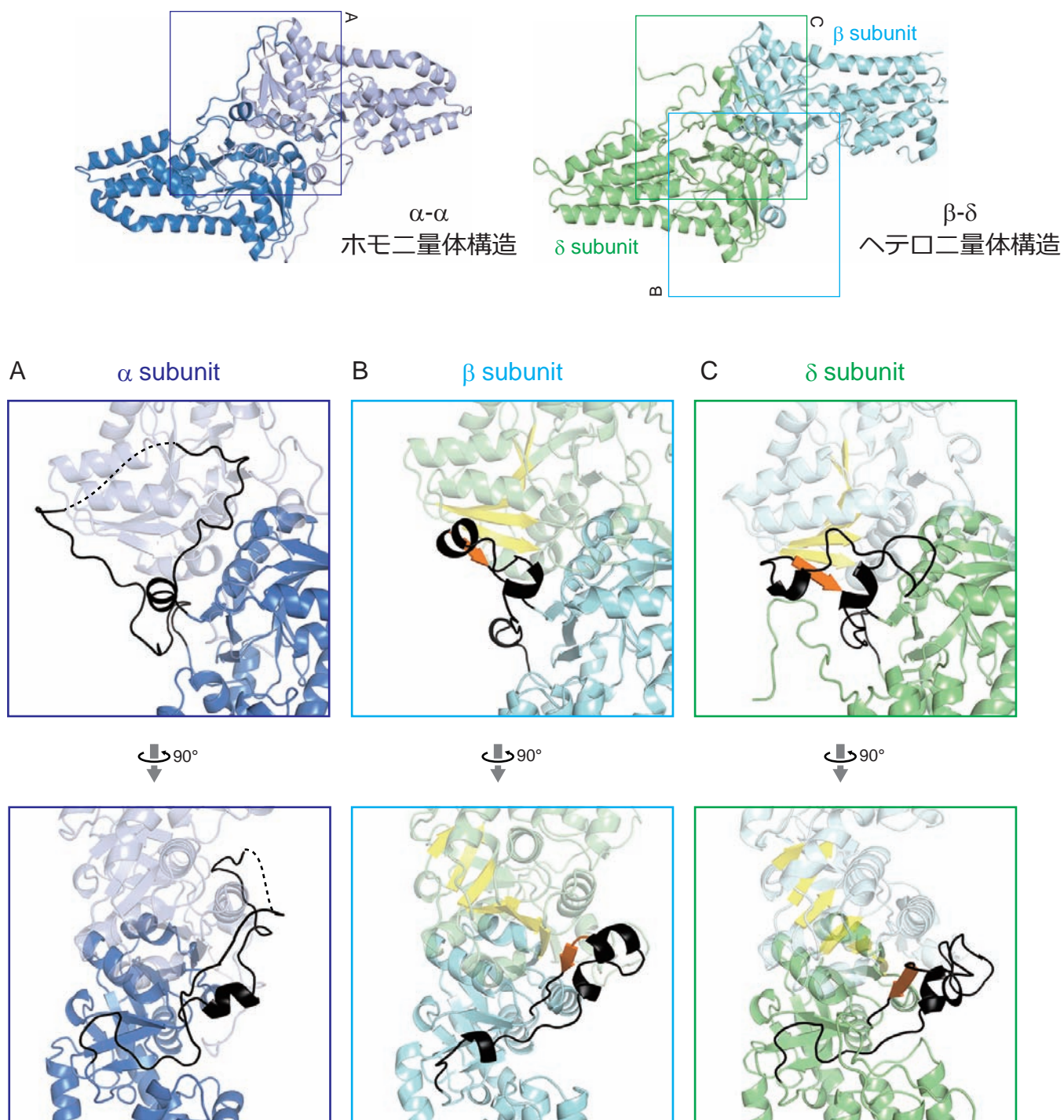


図 3-5. 調節サブユニット arm 領域の構造 .

$\alpha$  サブユニット arm 領域 (A),  $\beta$  サブユニット arm 領域 (B),  $\delta$  サブユニット arm 領域 (C) の構造 .  
各サブユニットの arm 領域が黒色で示されている .

(B, C) においては , arm 領域中の  $\beta$  ストランドが橙色で ,  
相手サブユニットの連続的な  $\beta$  シート構造が黄色で示されている .



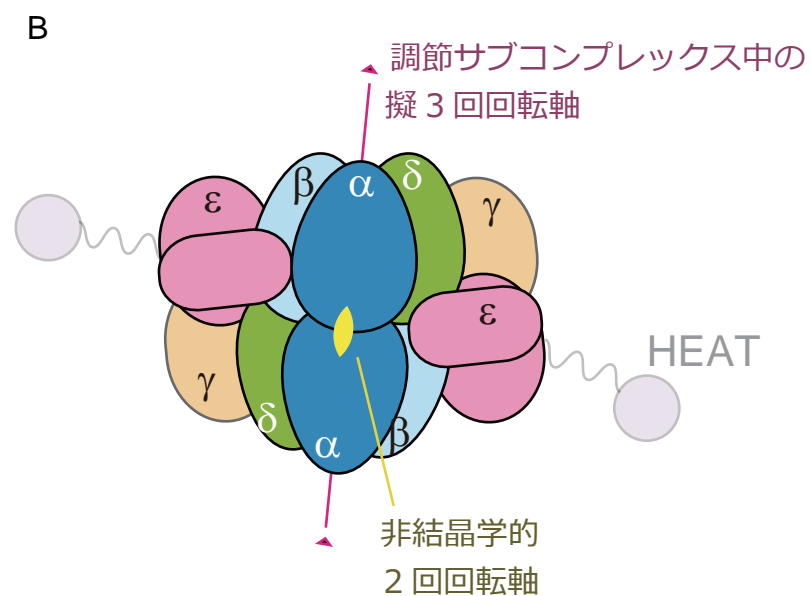
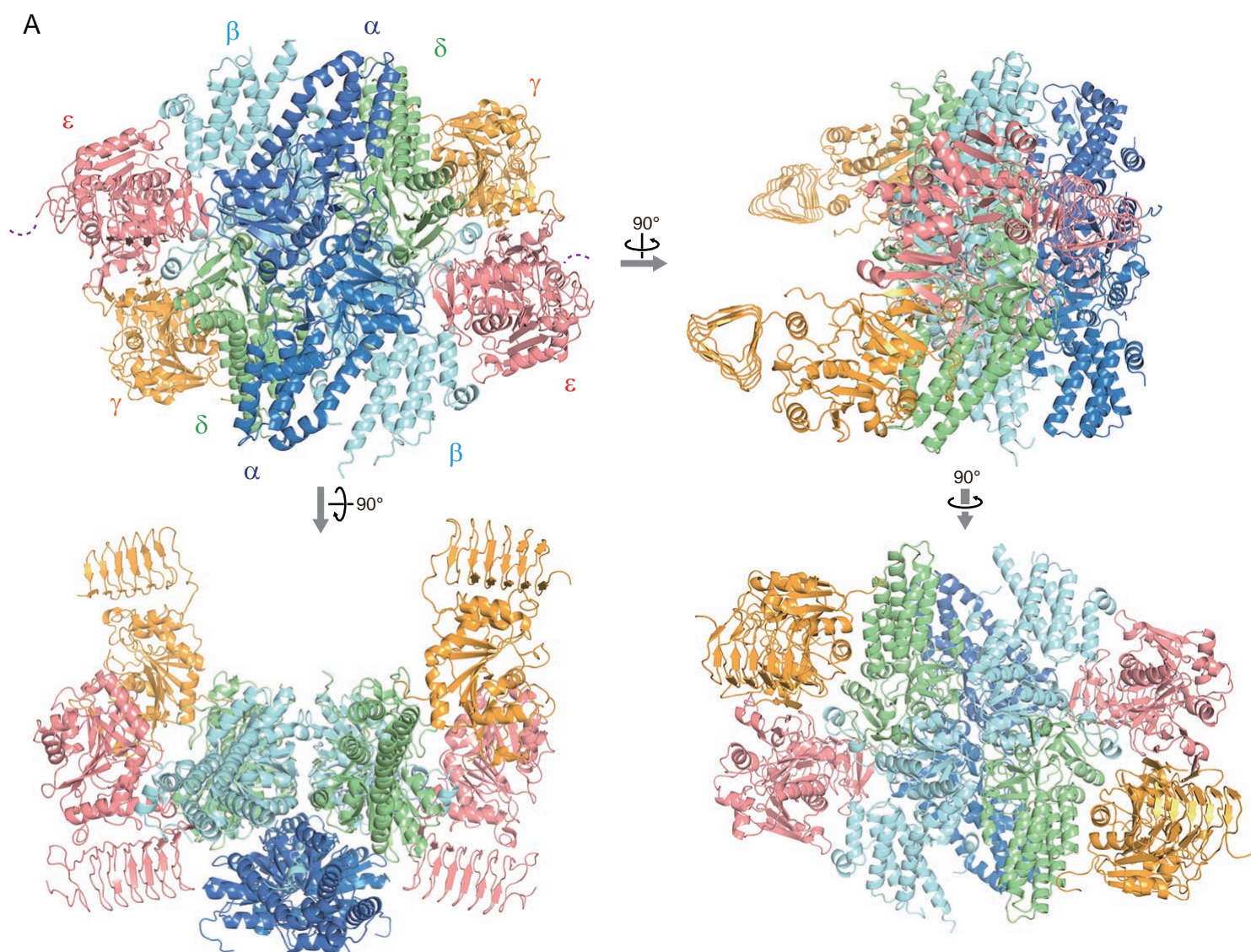


図 3-1. eIF2B の全体構造 .

(A) eIF2B 全体構造のリボン図 .

$\epsilon$  サブユニット HEAT ドメインをつなぐリンカー領域を破線で示している .

(B) eIF2B のサブユニット配置の模式図 .

## $\alpha$ subunit

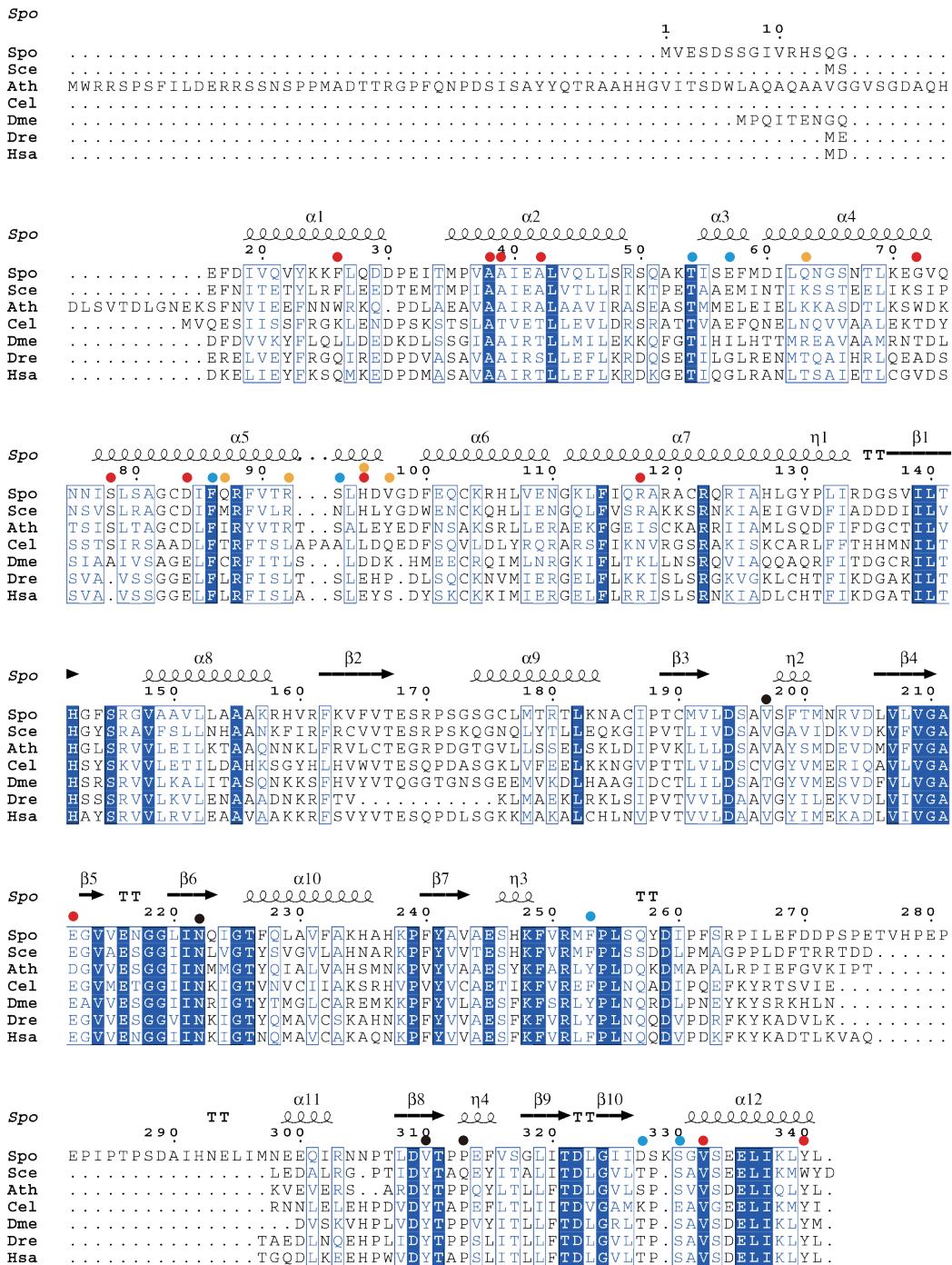


図 3-2. eIF2B 各サブユニットの配列比較 .

*Spo*: 分裂酵母 *Scizosaccharomyces pombe*, *Sce*: 出芽酵母 *Saccharomyces cerevisiae*,  
*Ath*: シロイヌナズナ *Arabidopsis thaliana*, *Cel*: 線虫 *Caenorhabditis elegans*,  
*Dme*: キイロショウジョウバエ *Drosophila melanogaster*, *Dre*: ゼブラフィッシュ *Danio rerio*,  
*Hsa*: ヒト *Homo sapiens* の eIF2B サブユニットの配列のアラインメント .

2 次構造は,  $\alpha$ ,  $\beta$ ,  $\delta$  サブユニットについては図 3-1A 左上の図において下側に位置するサブユニット,  
 $\gamma$ ,  $\varepsilon$  サブユニットについては左側に位置するサブユニットの構造に基づいて描かれている .  
 分裂酵母配列の上に, 出芽酵母 Gcd<sup>-</sup> 変異残基の位置を赤色, Gcn<sup>-</sup> 変異残基の位置を水色,  
 ヒト VWM 変異残基の位置を黒色, eIF2 $\alpha$  と架橋される置換残基の位置を橙色の丸で示す .

## β subunit

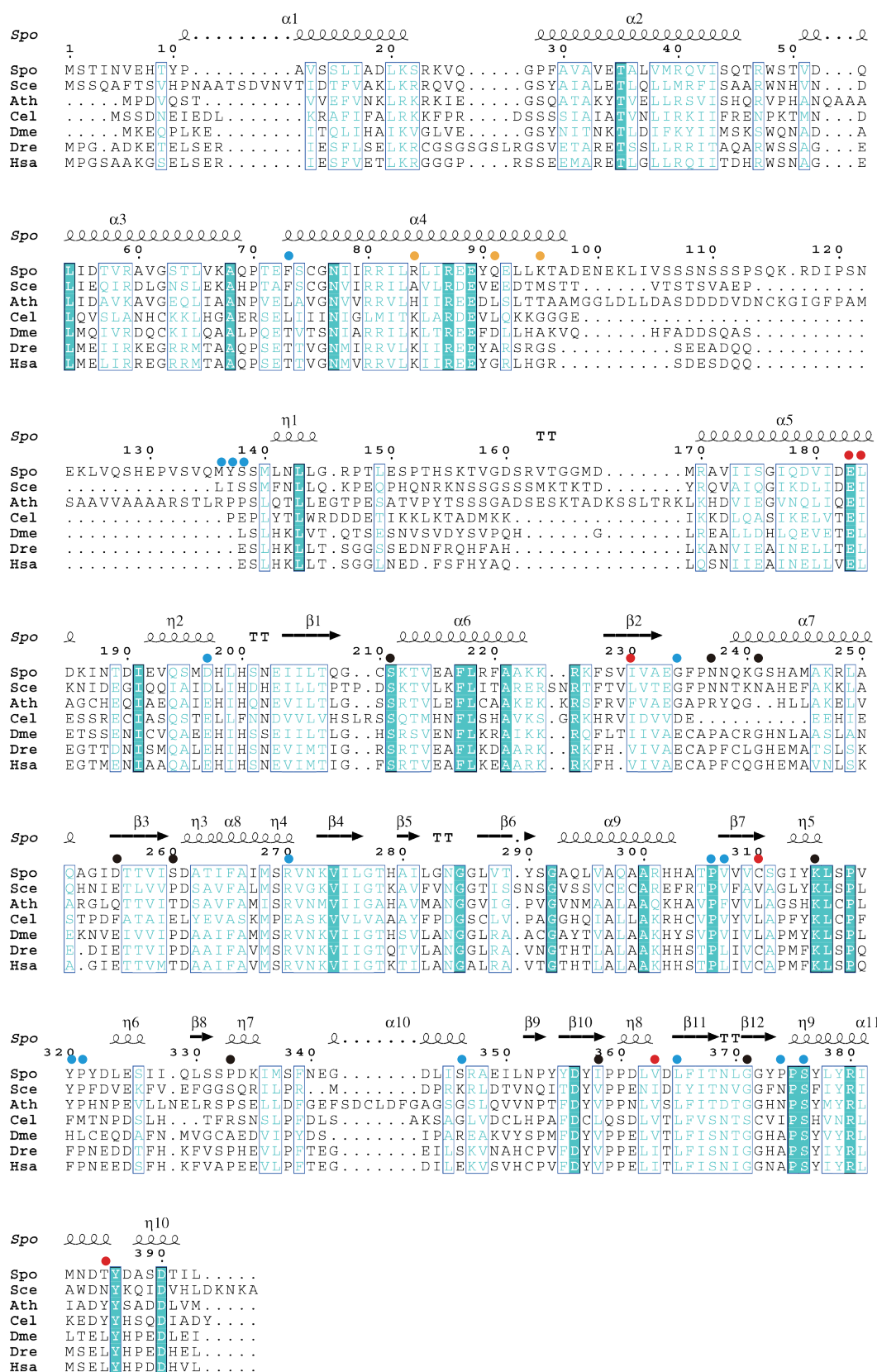


図 3-2. eIF2B 各サブユニットの配列比較. ( 続き )



## γ subunit

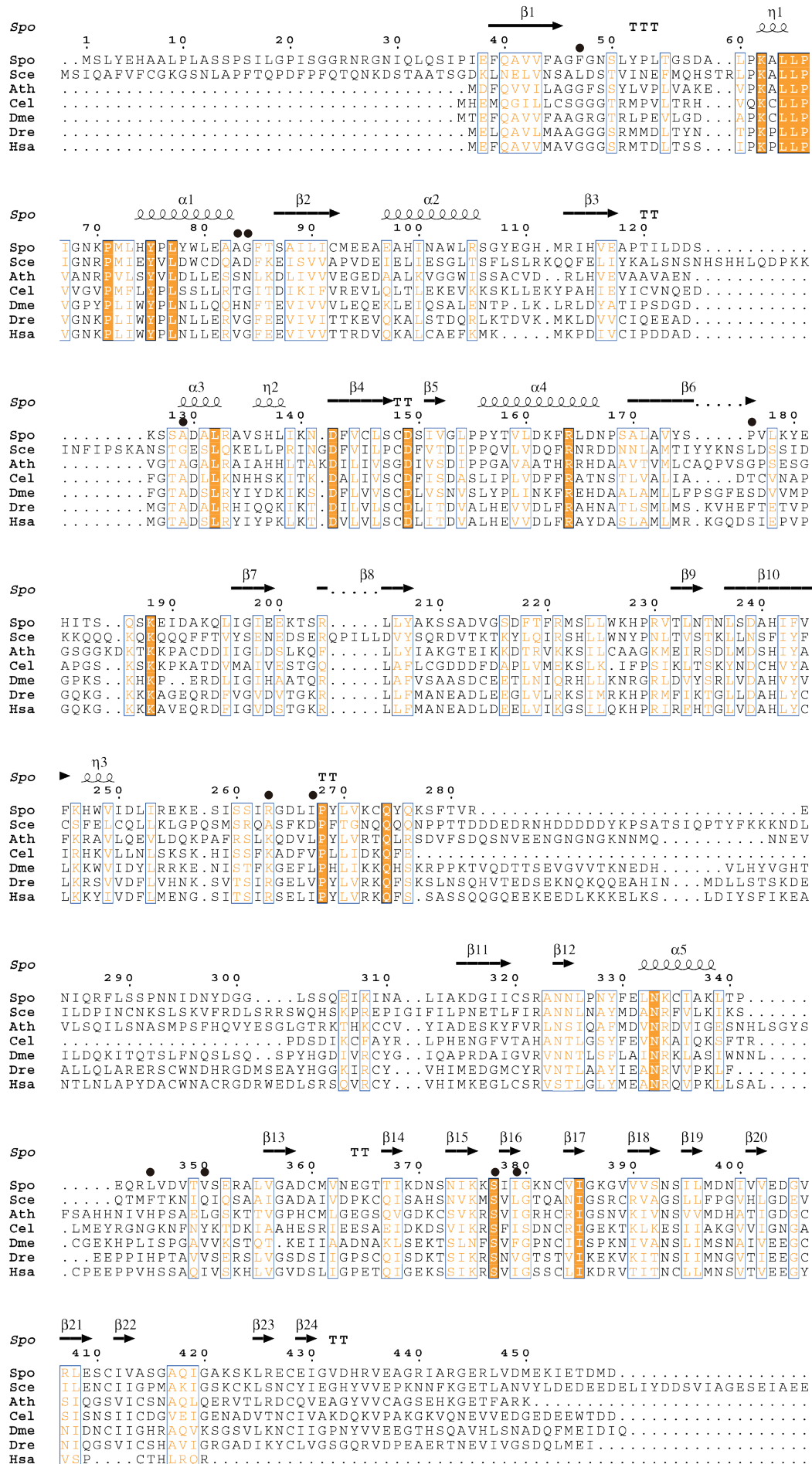


図 3-2. eIF2B 各サブユニットの配列比較. ( 続き )

## $\gamma$ subunit ( 続き )

*Spo*  
*Sce* TDSDDRSDEDSDDSEYTD EY EYEDDGLFER  
*Ath* .....  
*Cel* .....  
*Dme* .....  
*Dre* .....  
*Hsa* .....

## δ subunit

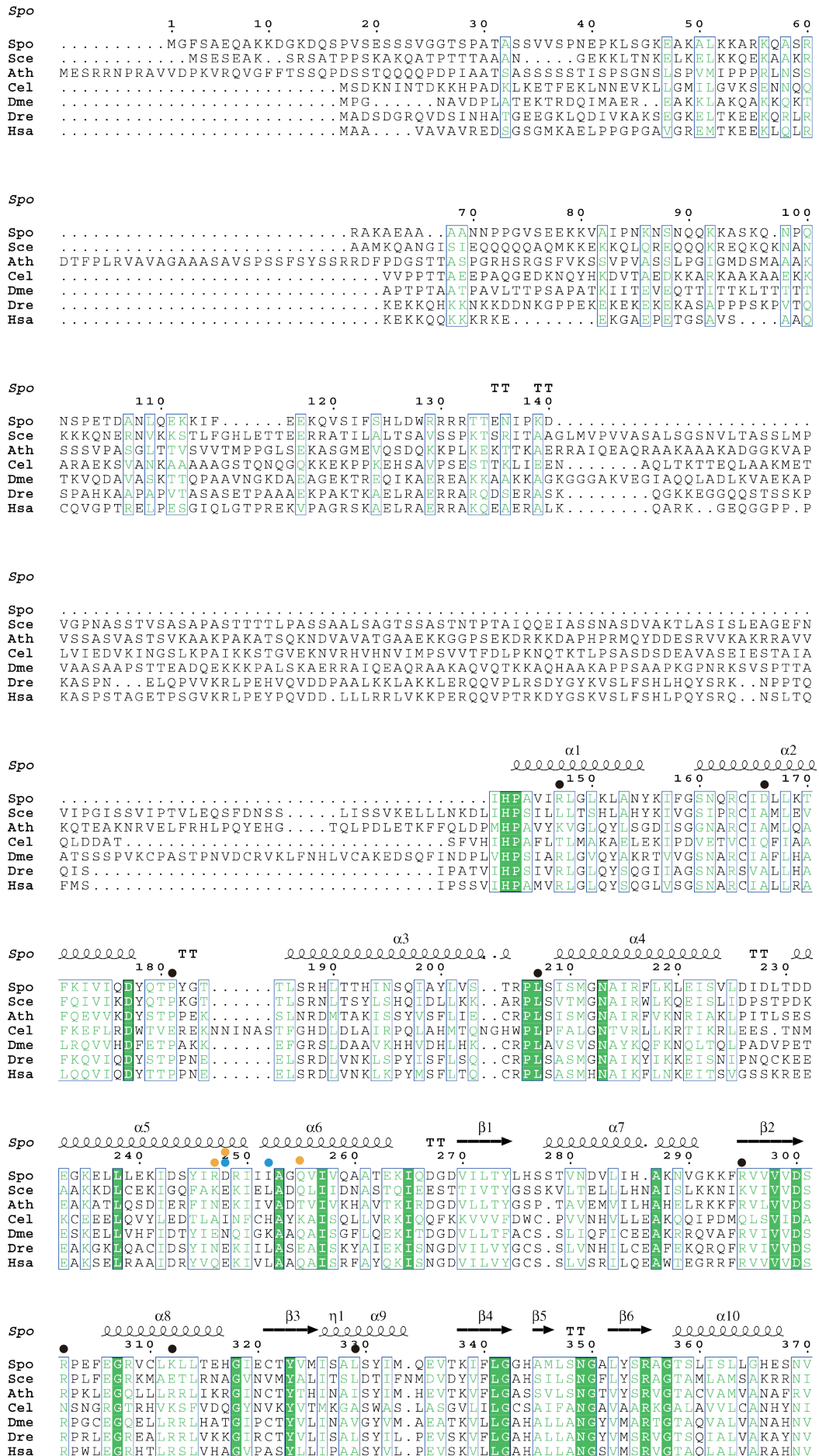


図 3-2. eIF2B 各サブユニットの配列比較. ( 続き )



## δ subunit ( 続き )

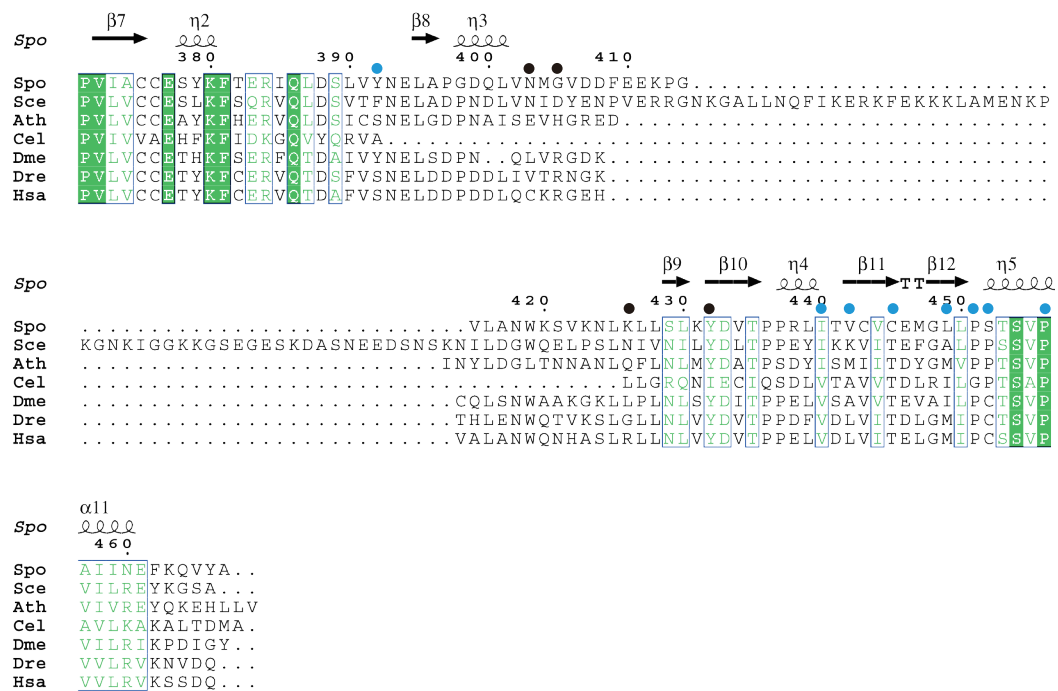


図 3-2. eIF2B 各サブユニットの配列比較. ( 続き )

$\epsilon$  subunit



図 3-2. eIF2B 各サブユニットの配列比較. ( 続き )