



## ゲルゾリンファミリータンパク質との共結晶化による F 型アクチン原子構造の解明

武田修一  
名古屋大学

キーワード：アクチン，ゲルゾリン，カルシウム，活性制御

### 1. 背景と研究目的

アクチンはほとんどの真核生物細胞中で最も発現量の多いタンパク質であり、繊維状アクチン (F アクチン) の重合機構を原子構造レベルで説明することは、様々な生理現象を理解する上で必須である。本研究では、F アクチン切断因子であるゲルゾリンファミリータンパク質の一種、フラグミンとアクチンの複合体の結晶構造を決定する事を目標とする。ゲルゾリンファミリータンパク質は様々な病理現象との関連が示されており、その作用機序の解明は非常に重要である。これまでの BL2S1 での実験によって、フラグミン N 末端側ドメインである F1 ドメイン (アミノ酸残基番号 1-160) と、アクチン 1 分子の複合体の結晶構造の決定に成功している。本研究課題では、N 末端に位置する FNEX (Fragmin N-terminal Extension; 残基番号) を完全に欠損したフラグミン F1 ドメイン (残基番号 31-160) とアクチンとの複合体中の結晶構造の決定を目標とし、実験番号 2019N5004 の結果を参照し、結晶化条件を改善して得られた複合体単結晶から X 線回折データセットを収集し、構造決定を目指した。

### 2. 実験内容

フラグミン F1 ドメイン残基番号 31-160 (*Physarum polycephalum* 由来:大腸菌発現)，及びアクチン (ニワトリ骨格筋由来) を精製し、モル比 1:1 で混合し、ゲル濾過カラムクロマトグラフィーで精製することで複合体試料を得た。この試料を用いて、単結晶を作成した。BL2S1 において凍結操作を行なった後 (100 K)，回折データ測定を行なった (波長:1.12 Å, 検出器:ADSC Q270)。得られた回折データを備え付けの XDS を用いて解析した。

### 3. 結果および考察

最高分解能 3.2 Å の回折を得た。XDS での処理の結果、空間群は  $P2_12_12_1$ ，unit cell length は  $a = 56.9$  Å,  $b = 97.2$  Å,  $c = 423.8$  Å であった。既知のアクチン構造を探索モデルとして分子置換法で初期位相を得た。現在構造精密化中である。

### 4. 参考文献

特になし

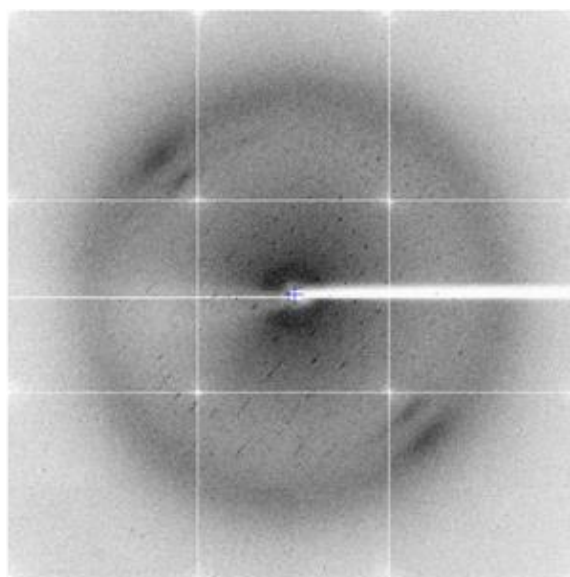


Fig. 1 F1<sub>31-160</sub>とアクチンとの複合体結晶から得られたX線回折像