



アクチン、及びその結合タンパク質の X 線結晶構造の解明

武田 修一
岡山大学

キーワード : アクチン, アクチン結合タンパク質, X 線結晶構造解析, ATP 加水分解

1. 背景と研究目的

細胞骨格タンパク質アクチンはほとんどの真核細胞中で最も多量に発現しており、様々な生態現象に関与する。単量体アクチン (G アクチン) は、集合し繊維状の F アクチンを形成することで機能し、様々なアクチン結合タンパク質がその重合状態を制御する。ゲルゾリンはカルシウムイオン依存的に F アクチンを切断することで、細胞内のアクチン再利用を促進する重要なアクチン結合タンパク質である。我々はこれまでに BL2S1 における測定により、真正粘菌のゲルゾリンホモログであるフラグミンの X 線結晶構造を報告している (文献 1, 2)。最近の研究により、ゲルゾリンは真核生物の祖先であると考えられているアズガルド古細菌にも存在することがわかってきた (文献 3)。今回の実験ではこのアズガルド古細菌ゲルゾリンの原子構造の決定を目指す。

2. 実験内容

アズガルド古細菌ゲルゾリンの一種は、大腸菌系を用いて発現・精製した。市販のスクリーニングキットを用いて結晶化条件の探索を行い、これをさらに最適化して単結晶 (0.2 x 0.2 x 0.2 mm) を得た。BL2S1 において回折実験 (波長:1.12 Å) を行った。

3. 結果および考察

実験に用いた結晶の写真と回折像、および備え付けの XDS によって行った回折データの統計値を Fig.1 に示す。2.4 Å 分解能の回折データが得られ、構造解析に十分なデータであると考えられる。現在構造解析中である。

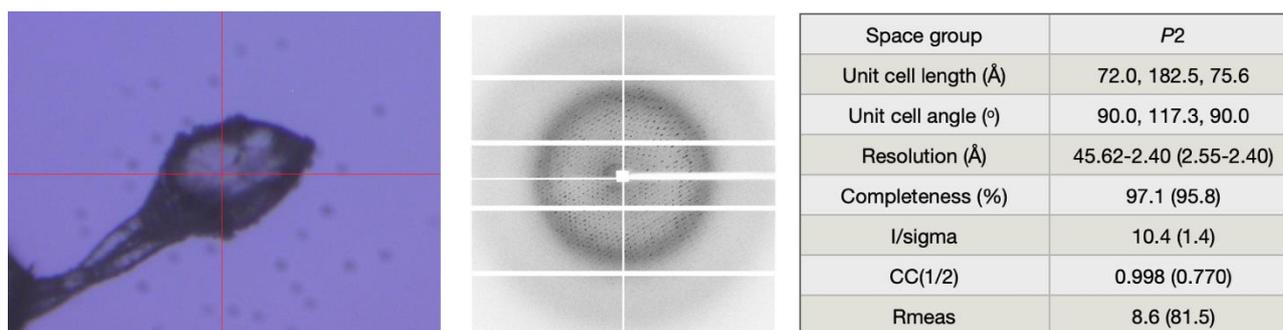


Fig. 1 測定に用いた結晶 (左)と得られた回折像 (中)、回折データの統計値 (右)

4. 参考文献

1. Takeda, et al., *J Muscle Res Cell Motil*, 2020
2. Kanematsu, et al., *PNAS*, 2022
3. Akil, et al., *Commun Biol*, 2022