



# アクチンと結合タンパク質の X 線結晶構造の解明

武田 修一  
名古屋 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

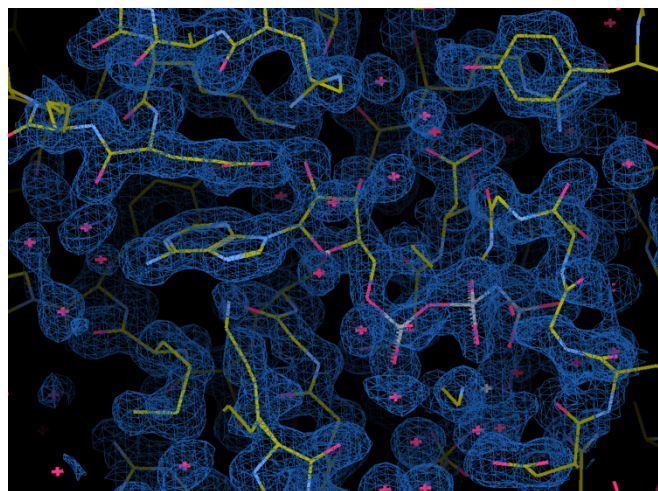
細胞骨格タンパク質アクチンはほとんどの真核細胞中で最も多量に発現しており、様々な生態現象に関与する。単量体アクチン（G アクチン）は、集合し繊維状の F アクチンを形成することで機能し、様々なアクチン結合タンパク質がその重合状態を制御する。我々はこれまでに BL2S1 における測定により、真正粘菌のゲルゾリンホモログであるフラグミンとの複合体として繊維状コンフォメーションのアクチンの X 線結晶構造を報告している（文献 1）。これまでの実験ではニワトリ骨格筋（文献 1）、もしくはヒト心筋由来（文献 2）のアクチンの構造解析を行ってきた。今回の測定では、ヒト非筋細胞由来アクチンを用いて製作した結晶の X 線回折実験を行った。

## 2. 実験内容

ヒト非筋細胞アクチンは、バキュロウイルス・昆虫細胞発現系を用いて精製した。フラグミンは大腸菌発現系を用いて精製した。アクチン・フラグミン複合体を、ハンギングドロップ蒸気拡散法で、文献 1 とほぼ同条件で結晶化した。BL2S1 において凍結条件で回折実験（波長 1.12 Å）を行った。回折データは備え付けの XDS で処理し、`ccp4`, `Phenix suite` を用いて構造解析を行った。

## 3. 結果および考察

いくつかの結晶について回折実験を行ったところ、最高 1.6 Å 分解能のデータセットが得られた。既知のアクチン・フラグミン構造を用いて分子置換法で初期位相を決定後、構造最適化をおこなった。下図に示すように、ペプチド側鎖や結合リガンド、水分子まではっきりと識別できるレベルの構造データが得られた。今後はこの結晶化システムを利用して変異体解析など行う予定である。



## 4. 参考文献

1. Kanematsu, et al., *PNAS*, 2022
2. Iwasa, et al., *Front Cell Dev Biol*, 2023