



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 (文献 1)。チューブリンはアクチンと並ぶ細胞骨格タンパク質である。今回は古細菌に存在するチューブリンホモログの構造解析を行った。

2. 実験内容

古細菌チューブリンは大腸菌発現系を用いて精製した。市販のスクリーニングキットを用いて、シッティングドロップ蒸気拡散法で結晶化条件のスクリーニングを行った。得られた結晶について、BL2S1 で回折実験 (波長 1.12 Å) を行った。回折データは XDS で処理した。

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、最高分解能 3.2 Å のデータセットが得られた。XDS による処理結果を以下に示す。空間群は $P2_12_12_1$ で、単位胞あたり 1 分子の古細菌チューブリンを含無と思われる。今後さらなる解析を行う。

SUBSET OF INTENSITY DATA WITH SIGNAL/NOISE ≥ -3.0 AS FUNCTION OF RESOLUTION													
RESOLUTION LIMIT	NUMBER OF REFLECTIONS			COMPLETENESS OF DATA	R-FACTOR observed	R-FACTOR expected	COMPARED	I/SIGMA	R-meas	CC(1/2)	Anomal Corr	SigAno	Nano
	OBSERVED	UNIQUE	POSSIBLE										
9.42	1382	283	326	86.8%	9.9%	9.5%	1354	13.43	11.1%	99.6*	4	0.901	136
6.73	2755	510	511	99.8%	26.9%	26.9%	2746	6.68	29.7%	96.1*	-3	0.767	319
5.51	3958	628	628	100.0%	51.7%	53.7%	3956	4.01	56.3%	87.6*	-2	0.761	471
4.78	4767	724	725	99.9%	44.0%	46.8%	4766	4.86	47.7%	91.5*	-1	0.787	567
4.28	5489	820	820	100.0%	42.0%	39.3%	5488	5.57	45.6%	88.7*	-1	0.841	669
3.91	6105	892	895	99.7%	81.8%	79.1%	6102	3.13	88.5%	75.8*	-4	0.729	738
3.62	5736	916	970	94.4%	77.3%	72.7%	5707	2.98	84.3%	65.4*	-9	0.767	705
3.39	5573	992	1012	98.0%	118.4%	117.4%	5530	1.87	130.7%	41.2*	0	0.692	696
3.20	6627	1085	1096	99.0%	179.5%	192.4%	6613	1.32	196.2%	41.2*	-2	0.663	869
total	42392	6850	6983	98.1%	66.7%	66.4%	42262	3.89	72.8%	83.5*	-3	0.749	5170

NUMBER OF REFLECTIONS IN SELECTED SUBSET OF IMAGES	42758
NUMBER OF REJECTED MISFITS	346
NUMBER OF SYSTEMATIC ABSENT REFLECTIONS	0
NUMBER OF ACCEPTED OBSERVATIONS	42412
NUMBER OF UNIQUE ACCEPTED REFLECTIONS	6853

4. 参考文献

1. Kanematsu, et al., *PNAS*, 2022