



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

- Kanematsu, et al., PNAS, 2022