



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

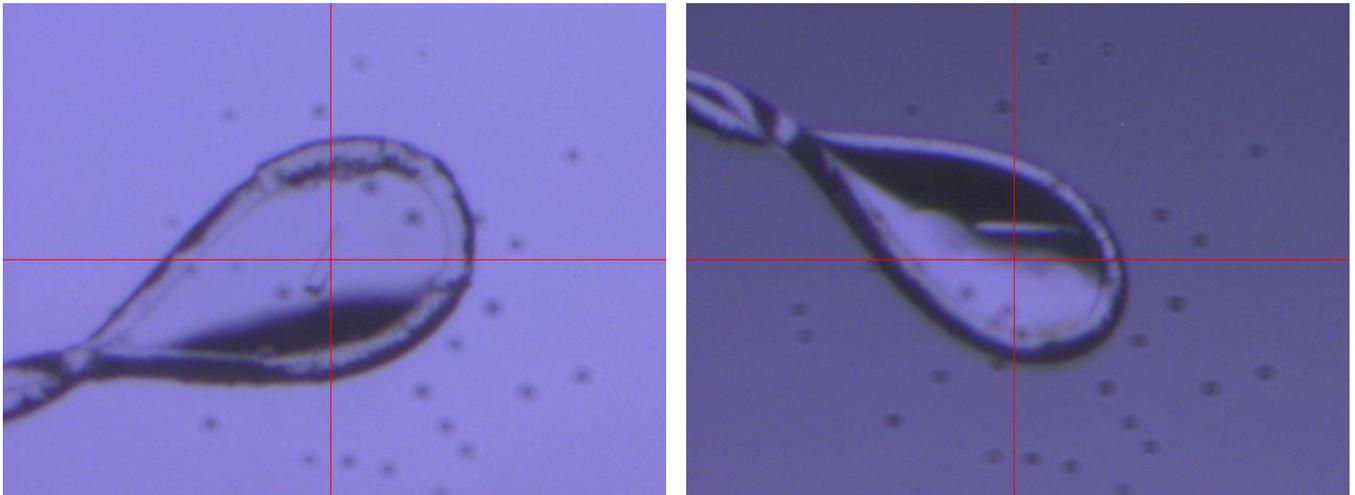
キーワード：アクチン，アクチン結合タンパク質，X 線結晶構造解析，ATP 加水分解

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）。最近の研究により、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、真核生物様の細胞骨格タンパク質が存在することがわかってきた（文献 2）。今回の実験ではこのアズガルド古細菌由来の細胞骨格タンパク質の原子構造の決定を目指す。

2. 実験内容

アズガルド古細菌由来の細胞骨格タンパク質は、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棒状の単結晶（長さ~0.1 mm）を得た。BL2S1 において凍結条件で回折実験（波長:1.12 Å）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 2.2 Å 程の回折スポットが得られた。測定に用いた結晶の写真を上に示す。今後結晶化条件を改善し、構造解析に十分なデータの取得を目指す。

4. 参考文献

1. Kanematsu, et al., *PNAS*, 2022
2. Akil, et al., *Commun Biol*, 2022