

X線溶液散乱法によるマイコプラズマ滑走タンパク質 Gli349 の立体構造解析 Structural analysis of the gliding protein Gli349 from *Mycoplasma mobile* by solution X-ray scattering

稲富純一¹, 林勇樹¹, 川北祥人², 矢部優², 宮田真人², 新井宗仁^{1,*}

¹ 東京大学大学院総合文化研究科, 〒153-8902 目黒区駒場 3-8-1

² 大阪市立大学大学院理学研究科, 〒558-8585 大阪市住吉区杉本 3-3-138

Jun-ichi Inatomi¹, Yuuki Hayashi¹, Yoshito Kawakita², Masaru Yabe², Makoto Miyata², and
Munehito Arai¹

¹ Dept of Life Sciences, The University of Tokyo, 3-8-1 Komaba, Meguro, Tokyo 153-8902, Japan

² Dept. of Biology, Osaka City University, 3-3-138 Sugimoto, Sumiyoshi-ku, Osaka 558-8585, Japan

1 はじめに

マイコプラズマの滑走運動は新規の運動様式であり、そのメカニズムの解明が重要課題である。この運動は、Gli349 タンパク質が「足」のように機能し、構造変化することによって起きる (図 1) [1]。したがってマイコプラズマの滑走機構を解明するためには、Gli349 の立体構造の解明が必要である。バイオインフォマティクス解析から、Gli349 には約 100 残基のリピート配列が 18 個存在することが知られている [2]。また Gli349 は、柔らかな多形構造を持つと考えられている [3]。それゆえ全長の結晶化は困難と考えられるが、断片化したリピートの立体構造や近接リピート間の空間的配置を X 線溶液散乱法で解析することは可能と考えられる。そこで本研究では、X 線溶液散乱法を用いて、Gli349 断片の立体構造解析を行った。

2 実験

バイオインフォマティクス解析によって予測された Gli349 のリピート境界に基づいて、様々な Gli349 断片を 15 種類作製した。これらのタンパク質を大腸菌内で大量発現させ、可溶性の断片については更にゲル濾過クロマトグラフィーで高純度精製した。

X 線溶液散乱の測定は、高エネルギー加速器研究機構・放射光科学研究施設 BL-10C で行った。カメラ長は 2 m、波長は 1.488 Å、検出器は PILATUS3 を用いた。得られた散乱曲線は自作のプログラム、及び、ATSAS パッケージを用いて解析した。立体構造のモデリングには DAMMIN ソフトウェアを用いた。

3 結果および考察

発現させた 15 種類の Gli349 断片のほとんどは可溶性が低かったが、K, L, M リピート領域に相当する KLM 断片は可溶性を示した。そこで、X 線溶液散乱法により KLM 断片の立体構造解析を行った。その結果、図 2 に示すモデル構造が得られた。

KLM 断片内には約 100 残基のリピート配列が 3 つ存在する。得られたモデル構造には 3 個の球状ドメインが存在したことから、Gli349 のリピート配列が 1 つの球状ドメインを構成していることが示唆され

る。したがって Gli349 は、図 1 のように、18 個の球状構造が直鎖状に連結された立体構造を持つことが示唆された。



図 1: Gli349 タンパク質の立体構造モデル。楕円はリピート配列を表す。

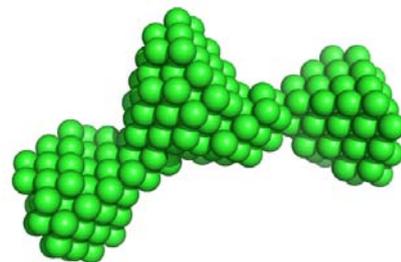


図 2: X 線溶液散乱法で得られた Gli349 の KLM 断片の立体構造モデル

4 まとめ

X 線溶液散乱法により、マイコプラズマの滑走運動に関わるタンパク質 Gli349 の KLM 断片の立体構造モデルが得られ、Gli349 が約 100 残基の球状ドメインのリピートから構成されていることが示唆された。

参考文献

- [1] Miyata, *Annu. Rev. Microbiol.* **64**, 519 (2010).
- [2] Metsugi *et al.*, *BIOPHYSICS*, **1**, 33 (2005).
- [3] Adan-Kubo *et al.*, *J. Bacteriol.* **188**, 2821 (2006).

* arai@bio.c.u-tokyo.ac.jp