

ミオシン XI の X 線結晶構造解析 Crystal structure of the myosin XI motor

鈴木花野¹, 原口武士¹, 伊藤光二¹, 村田武士^{1,*}

¹千葉大学大学院理学研究院, 〒263-8522 千葉県千葉市稲毛区弥生町1-33

Kano Suzuki¹, Takeshi Haraguchi¹, Kohji Ito¹, Takeshi Murata^{1,*}

¹Graduate School of Science, Chiba University, 1-33 Yayoi-cho, Inage-ku, Chiba, 263-8522, Japan

1 はじめに

ミオシンは ATP の加水分解で生じたエネルギーを運動エネルギーに変換し、アクチンに結合し移動する分子モーターである。ミオシンはモーター領域のアミノ酸配列から 35 のクラスに分類され、クラス I、II、V、VI、VII、X、XIV などは X

線結晶構造解析

により詳細構造が得られている。また ADP や AlF_4 など様々なヌクレオチドが結合した複数のミオシン構造によりアクチンへの結合・解離のメカニズムが原子レベルで明らかになっている。

ミオシン XI は植物に存在し、細胞の原形質流動の原動力となっている。またミオシン XI はミオシンスーパーファミリーの中で運動速度がもっとも早く、なぜ運動速度が高速であるかを生化学的研究で明らかにしてきた [1][2]。今回我々はミオシン XI の性質を構造上から理解するため、シロイヌナズナ由来ミオシン XI (MYA2) ヘッド部分の X 線結晶構造解析を行った。

2 実験

MYA2 は昆虫細胞発現系を用いて発現し、精製を行った。精製標品に ADP と AlF_4 を加えてインキュベートした後、シッティングドロップ蒸気拡散法で結晶化を行った。得られた結晶は波長 0.98 Å で X 線回折実験を行い、得られた回折データは XDS で指数付け・積分・スケール処理した。分子置換は Phaser-MR を用い、構造精密化には COOT、Phenix refinement を用いた。

3 結果および考察

結晶は空間群 $P2_12_12_1$ に属しており、格子定数は $a=58.3$ Å、 $b=73.7$ Å、 $c=188.0$ Å、 $\alpha=90^\circ$ 、 $\beta=90^\circ$ 、 $\gamma=90^\circ$ で分解能 2.84 Å の回折データセットを取得し、ADP・ AlF_4 が結合しているミオシン II (PDBID:1MND) をモデルとして分子置換を行った。

4 まとめ

MYA2 のヌクレオチド結合部位には ADP と AlF_4 が結合していた (図 1)。全体構造は粘菌由来ミオシン II の pre-powerstroke 状態の構造と似ており今回得られた構造は pre-powerstroke 状態であると示唆された。しかし Loop2、Loop3、Cardiomyopathy Loop などアクチンが結合するドメインは既知の構造と異なっていた。

この構造は現在論文準備中である。

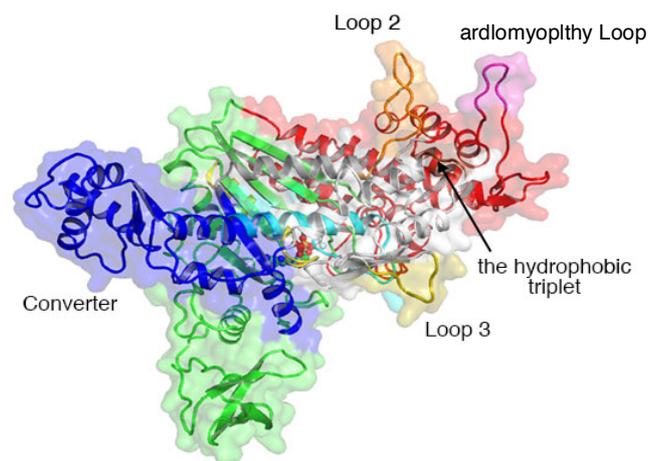


図 1 MYA2 の全体構造

謝辞

X 線回折実験を行うにあたり、Photon Factory のビームラインスタッフにみなさまに大変お世話になりました。心より感謝申し上げます。

参考文献

- [1] K. Ito *et al.*, *Proc Natl Acad Sci USA*, **106**, 21585-21590 (2009).
[2] T. Haraguchi *et al.*, *Plant Cell Physiol.* **59**, 2268-2277 (2018).

* t.murata@faculty.chiba-u.jp