

## タンパク質結晶構造解析ユーザーグループ

### 酢酸菌 *Gluconobacter frateurii* 由来 L-sorbose reductase の X 線結晶構造解析

窪田恵子<sup>1</sup>、永田宏次<sup>1</sup>、宮園健一<sup>1</sup>、岡井公彦<sup>1</sup>、丸岡慎太郎<sup>1</sup>、大塚淳<sup>1</sup>、山村昭裕<sup>1</sup>、  
外山博英<sup>2</sup>、松下一信<sup>3</sup>、田之倉優<sup>1</sup>

<sup>1</sup>東大院農生科・応生化、<sup>2</sup>琉球大農・生物資源、<sup>3</sup>山口大農・生物機能

酢酸菌は糖やアルコールを他の微生物が利用し難い有機酸に変換し、それを栄養源とする能力を有する。*Gluconobacter frateurii*由来L-sorbose reductase (SR)は、菌体内において有機酸であるL-sorboseを代謝可能なD-sorbitolに変換する酵素であり、酢酸菌の成育に不可欠である。また、本酵素はL-sorboseを基質とする他の還元酵素と比べ、極めて基質特異性が高いことが知られているがその詳細は明らかにされていない。本研究ではSRの結晶構造解析を行い、その触媒機構及び基質認識機構を解明することを目的とした。

今回我々は、KEK Photon Factory のビームライン BL-5A 及び SPring-8 のビームライン BL41XU を利用し、補酵素複合体である SR と NADPH の複合体構造と基質複合体である SR と L-sorbose の複合体構造を、分子置換法によりそれぞれ 1.9-Å, 2.4-Å の分解能で決定した。SR は2つのドメインから構成され、一方は単鎖型脱水素酵素/還元酵素(SDR)ファミリーに特有なロスマンフォールドを有し、他方は2本の  $\alpha$ -ヘリックスから構成されていた。また、結晶構造解析とゲルろ過分析より、SR は、4 量体で存在していることが明らかとなった。NADPH はロスマンフォールドの中央部に結合し、その位置は他の SDR ファミリーの酵素のものと同じであった。さらに、L-sorbose と SR の複合体構造より NADPH が結合すると思われる位置の上部に L-sorbose の結合が確認できた。これらの結果から、SR の L-sorbose 認識機構が明らかとなった。