

緑色光合成細菌の反応中心を構成する cytochrome c_z サブユニットヘム結合ドメインの構造解析

平野優^{1,2}, 樋口誠², 浅井智宏³, 大岡宏造³, 三木邦夫¹, 大友征宇²
1 京大院理, 2 茨城大理, 3 阪大院理

緑色光合成細菌においては、光合成反応中心を構成するサブユニットの一つである cytochrome c_z が、menaquinole:cytochrome c oxidoreductase から反応中心スペシャルペアへの電子伝達を主に担っている。Cytochrome c_z は、N 末側の膜貫通ドメインと、C 末側の水溶性ヘム結合ドメインからなる。ヘム結合ドメインは、menaquinole:cytochrome c oxidoreductase と反応中心の間を揺らぎながら電子伝達を行うと考えられている。

我々は、cytochrome c_z の C 末ヘム結合ドメイン (C-cyt c_z) を大腸菌において大量発現させ、精製、結晶化を行った [1]。C-cyt c_z の結晶は、硫酸アンモニウムを主な沈殿剤とする条件で得られた。位相決定は、PF のビームライン 5A において波長 1.7365 Å を用いデータ収集を行い、鉄の異常分散効果を利用した単波長異常分散 (SAD) 法により行った [2]。また、PF-AR のビームライン NW12A における測定では、1.3 Å 分解能の回折データを収集することができた。構造精密化は 1.3 Å 分解能データを用いて行い、最終的に $R_{\text{work}} = 13.9\%$, $R_{\text{free}} = 15.5\%$ となった。

C-cyt c_z の全体構造は、4 本のアルファヘリックスで構成されており、アミノ酸配列の相同性が低いにも関わらず Class I シトクロムタンパク質と同様の構造を取ることが分かった。また、C-cyt c_z の N 末端側の構造は、ヘム結合ドメインが揺らぎながら電子伝達を行う機構を支持していた。C-cyt c_z の表面構造からは、cytochrome c_6 との類似性により、電子伝達パートナーとの相互作用様式が推測された。一方、C-cyt c_z のヘム周辺については、特徴的な構造を持っていることが明らかとなった。ヘム面に対する軸配位子の配向、タンパク質表面への露出領域、水分子の位置、プロピオン酸の水素結合様式について Class I シトクロムタンパク質との間に違いが見られた。これらヘム周辺の環境は、cytochrome c_z の酸化還元状態制御において重要な役割を担っていると考えられる。

[1] M. Higuchi *et al.*, *Photosynth. Res.*, 101, 77-84 (2009)

[2] Y. Hirano *et al.*, *J. Mol. Biol.*, in press