

タンパク質結晶構造解析

放線菌アラビノフラノシダーゼ結晶の PF6A での X 線回折データ収集および 多波長異常分散法による構造解析

○藤本 瑞¹, 一ノ瀬仁美², 金子哲²

¹ (独) 農業生物資源研究所, ² (独) 農研機構・食品総合研究所

L-アラビノースは小腸スクラーゼの活性を阻害し、ショ糖の吸収を抑制する効果があることから、機能性糖としての応用が期待されている。L-アラビノースはアラビノキシラン、アラビノガラクトランなどヘミセルロースの構成糖として存在し、 α -L-アラビノフラノシダーゼは、これらヘミセルロースより L-アラビノースを遊離する酵素の一つである。*Streptomyces avermitilis* のエキソ- α -1,5-L-アラビノフラノシダーゼは糖質加水分解酵素ファミリー43 (GH43) に属する。このファミリーには、エンド- α -1,5-L-アラビナーゼ、 β -キシロシダーゼ、エキソ- β -1,3-ガラクタナーゼ等、多くの酵素が分類されており、特に α -1,5-L-アラビナンに作用する酵素は、エンド型およびエキソ型両酵素を含んでいる。酵素の基質認識機構とエンド型、エキソ型の識別のメカニズムを解明するため、また、L-アラビノース分解酵素の構造基盤を得るため、*Streptomyces avermitilis* のエキソ- α -1,5-L-アラビノフラノシダーゼの立体構造解析に着手した。

本酵素の結晶化を試みたところ、PEG3350 を含む幅広い結晶化条件で結晶が得られた。セレノメチオニンを導入した酵素についても結晶化を行い、PFBL6A で多波長異常分散法に与する4波長でのX線回折データ測定を行い、2.2Å 分解能での結晶構造を明らかにした。更にアラビノース、 α -1,5-L-アラビノオリゴ糖をソーキングし、糖結合構造も明らかにした。

ポスターでは、多波長異常分散法による一連の構造解析結果、およびエキソ- α -1,5-L-アラビノフラノシダーゼの立体構造について発表する。