

リボソームの X 線結晶構造解析

川添将仁¹, 直枝智恵子¹, 板垣貴¹, 上西達也^{1,2}, 竹本千重¹, 横山茂之¹

¹理化学研究所 生命分子システム基盤研究領域

²Institute of Organic Chemistry and Chemical Biology, Johann Wolfgang
Goethe-University

原核生物のリボソームは、分子量約 90 万の小サブユニットと分子量約 150 万の大サブユニットが会合した、RNA とタンパク質からなる巨大粒子で、その沈降係数から 70S と呼ばれ、各サブユニットはそれぞれ同様に 30S、50S と呼ばれる。

我々はこれまでに、共結晶またはソーキングを行うことにより、30S サブユニットがタンパク質因子や mRNA などと結合した、いくつかの複合体結晶を得ることに成功した。これらについて X 線の回折実験及び構造解析を行っている。リボソームの結晶は比較的分解能が低く、X 線の照射による損傷が顕著に現れる。また、格子定数が大きいため隣り合う回折点の距離が近く、結晶のハンドリングやソーキング等の衝撃により、簡単にモザイク率の上昇が起こるため、回折斑点の分離が困難な結晶にしばしば遭遇する。このように、30S サブユニットの結晶も典型的な巨大分子結晶の挙動を示し、測定戦略や解析手法の微細な違いがデータの質を大きく左右する。

現在、複合体形成や結晶化条件の違いによる 30S サブユニットの状態の変化を主因として、大きく分けて 3 種類の格子定数で結晶を得ている(表1)。これらの結晶を数カ所のビームラインで、様々な測定条件を試行し、結晶の能力を最大限に引き出す方法を模索している。

表1, 各結晶の格子定数

	Cell parameters (Å)	Space group
Form 1	410 x 410 x 173	P41212
Form 2	400 x 400 x 216	P41212
Form 3	400 x 400 x 176	P41212