

ダイズ Basic 7S globulin の X 線結晶構造解析

Crystal Structure of Basic 7S globulin from soybean

○ 吉澤 拓也¹、清水 敏之²、山辺 真行¹、泰地 美佐子^{3,4}、西内 祐二^{3,4}、
雲財 悟¹、平野 久¹、佐藤 衛¹、橋本 博¹

1 横浜市立大学、2 東京大学、3 ペプチド研究所、4 大阪大学

植物の細胞壁はセルロースやヘミセルロースなどの多糖によって形づくられている。セルロースは D-グルカン鎖から成り、数十本が束となってセルロース微小繊維を形成している。ヘミセルロースはセルロース同士を架橋する糖鎖の総称であり、植物種によって糖鎖の種類が異なる。細胞壁ではセルロースとヘミセルロースによる網目状の構造が形成され、強度を与えられている。

カビなどの微生物は様々な糖質分解酵素(Glycoside Hydrolases, GHs)を分泌し、植物細胞壁を攻撃する。植物はこの攻撃から防御するために糖質分解酵素阻害タンパク質(Glycoside Hydrolase Inhibitor Proteins, GHIPs)を産出して対抗する。GHIPs の一つとして、双子葉植物の主要なヘミセルロースであるキシログルカン鎖を特異的に分解する酵素(Xyloglucan specific Endo- β -1,4 Glucanase, XEG)を阻害するタンパク質、トマト由来の XEGIP (Xyloglucan specific Endo- β -1,4 Glucanase Inhibitor Protein)が 2003 年に報告された。

1984 年にダイズ由来のストレス応答タンパク質として発見された Bg7S (Basic 7S globulin)はトマト XEGIP と 38% の配列相同性を有していることから、GHIP であると考えられている。しかし、これまでのところ Bg7S の機能はほとんど明らかにされていない。そこで本研究は Bg7S の立体構造および機能を解明することを目的として X 線結晶構造解析を行った。

Bg7S 結晶の X 線回折強度データは Photon Factory BL5A で測定し、分解能 1.9Å でのデータ収集・構造解析に成功した。得られた Bg7S の結晶構造は 4 量体を形成していた。トマト XEGIP はゲル濾過クロマトグラフィーにより単量体で存在することが報告されていたが、Bg7S は超遠心分析およびゲル濾過クロマトグラフィーの結果、pH 依存的に単量体・二量体・四量体と会合状態が変化することが明らかとなった。結晶構造より、Bg7S は塩基性と酸性の二つの相互作用表面で別のプロトマーと相互作用していた。この相互作用表面の違いによって pH 依存的な会合状態の変化が起こることが示唆された。一方、Bg7S は XEGIP と同様に GHIP としての機能を有すると考えられてきたが、XEG を含む 3 種の GHs に対する阻害能を示さなかった。その原因を立体構造から考察する。