

好酸性細菌由来 β -グルクロニダーゼの結晶構造解析

Structural characterization of *Acidobacterium capsulatum* β -glucuronidase

門間 充¹, 藤本 瑞¹, 路川 真理², 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

アラビノガラクトタンパク質 Arabinogalactan-proteins (AGP) は、高等植物の細胞表層に存在する植物プロテオグリカン的一种であり、ガラクトースやアラビノースに富んだ糖鎖と、ヒドロキシプロリンに富むコアタンパク質からなる分子の総称である。AGP はコアタンパク質、糖鎖がともにヘテロな分子であり分子の構造解析は困難である。我々は AGP 糖鎖に作用する糖質加水分解酵素が AGP 研究において重要だと考え、これまでに主に放線菌の有する AGP 糖鎖加水分解酵素の機能解析、および構造解析を行っている。今回は、好酸性細菌の有する β -グルクロニダーゼが、AGP 糖鎖のグルクロン酸に作用できる可能性があることから、この β -グルクロニダーゼの作用機構、基質特異性などを明らかにすることを目的に、大腸菌を用いた発現系を構築し、立体構造解析に着手した。

構造解析は、Se-Met 誘導体結晶を用いた単波長異常散乱法(SAD)法を用いて行った。Se-Met 誘導体結晶の Se 原子吸収端における異常分散項を含むデータ測定および、グルクロン酸複合体結晶のデータ測定は PF-AR BL-NE3 において行い、それぞれ 1.6、1.8Å分解能のデータを取得した。位相決定、モデル構築はプログラム AutoSolとAutoBuild、ARP/wARPを併用した。

好酸性細菌 β -グルクロニダーゼの触媒ドメインは $(\beta/\alpha)_8$ -バレル構造であり、その C 末側に1つグリークキーモチーフを含むベータドメインが存在していた。グルクロン酸複合体構造では、触媒部位に結合した 1 分子のグルクロン酸が見いだされた。複合体の立体構造より、本酵素の触媒反応機構を明らかにした。