

イネ由来 L-ガラクトース脱水素酵素の X 線結晶構造解析

Crystallographic study of *Oryza sativa* L-Galactose Dehydrogenase

門間 充, 藤本 瑞
(独)農業生物資源研究所

L-アスコルビン酸(ビタミン C)はその強い抗酸化作用及び還元作用により、活性酸素の除去、フリーラジカルの捕捉等による生体防御機構に関わる重要な物質であり、レモン、キウイフルーツをはじめとする植物に多く含まれる。植物におけるアスコルビン酸生合成は主に L-グルコース及び L-ガラクトースを起源とする2経路により行われている。筆者らは後者の経路に関与する酵素群の立体構造解析を進め、昨年この研究会でイネ由来 L-ガラクトース 1-リン酸脱リン酸酵素(イノシトール 1-リン酸脱リン酸酵素、OsIMPase)の立体構造解析について報告した。今回はその下流酵素である L-ガラクトース脱水素酵素(OsLGDH)の立体構造解析について報告する。

大腸菌で発現した OsLGDH を精製後、結晶化スクリーニングを行い、PEG3350 を沈殿剤とする複数の結晶化条件で結晶を得た。X 線回折データ測定は PF、BL-1A において行い、1.2 Å 分解能のデータを取得した。結晶は格子定数 $a = 46.8$, $b = 54.9$, $c = 56.9$ Å, $\beta = 102.3^\circ$ 、空間群 $P2_1$ に属していた。構造解析は *Bacillus halodurans* aldo-keto reductase(PDB code: 1YNP)の構造をサーチモデルとした分子置換法を用いて行い、プログラム Molrep と ARP/wARP により、立体構造決定を進めている。OsLGDH は触媒ドメインに TIM バレルを持つ単独ドメインからなるタンパク質であった。ソーキング法により補酵素 NAD との複合体構造解析も行っているので併せて報告する。