

提出日：2019年 5 月 17 日

平成 30 年度 大阪大学蛋白質研究所 拠点事業

(2) 研究成果の概要

課題名	バクテリア細胞骨格 ParM 線維の高分解能構造解析	
研究代表者	氏名	成田哲博
	所属機関名・部局名	名古屋大学理学研究科
	職名	准教授
事業名 (該当の事業名の右欄に○)		共同研究員
		超高磁場NMR 共同利用研究課題
	○	クライオ電子顕微鏡共同利用研究課題
		客員フェロー
蛋白研受入担当教員名	岩崎憲治	
<p>アクチン線維や微小管などの細胞骨格は真核細胞の中で多様な役割を果たしているが、原核生物の中にも同様の細胞骨格が存在する。その中の 1 つ ParM はアクチンホモログであり、線維を形成し、parC, ParR とともに細胞分裂時にプラスミドを娘細胞に分配するために働いている。このシステムは非常にユニークである。分配されるプラスミドに ParR, ParM がコードされており、parC はプラスミドの部分配列である。parC に ParR が結合するとそれが ParM の重合核となり ParM を伸長する(図 1)。parC への ParR の結合は ParR, ParM の発現も調節している。つまり、ParMRC システムは非常に独立性の高い運動システムである。その解明の手始めとして私達は ParM 線維の構造解析を 7 年前にスタートしたが、その ParM の構造が非常に多様であることがわかってきた。ほとんど同じ単量体構造からどのようにしてこのような多様な線維構造が構築されるのかが分かれば、蛋白質による線維構造構築の一般原理がわかるだろう。そのためにはクライオ法による高分解能構造解析が必要であり、既に複数の ParM 線維の構造解析に着手。そのうちの 1 つについては、以前の本拠点事業で撮影した電子顕微鏡写真から、ADP, GDP, GDPPi の各状態の構造を 3.9, 3.5, 6.4 Å のそれぞれで決定。単量体構造の X 線結晶解析が長いことうまくいっていなかったのが、論文化のネックになっていたのだが、3.5 Å 分解能構造の原子座標モデルを分子置換法のモデルとして用いて結晶回折パターンの位相づけに成功。単量体と線維構造の両方がようやく揃い、現在論文執筆中である。</p> <p>また、30 年度は別の ParM 線維の電子顕微鏡撮影を行い、現在構造解析中。らせんパラメータのゆらぎが大きく、現在 6 Å 分解能であるが、メインチェーンが完全にトレースできる 5 Å 程度の分解能を目指している。</p>		
		図 1

※本様式は、“拠点事業成果報告”として、拠点ホームページにて公開させていただく予定です。

※必ず A4 用紙 1 枚におさめて下さい。 ※提出期限：令和元年 5 月 17 日（金） ※提出の際は PDF 変換して下さい。

※提出先：大阪大学蛋白質研究所拠点プロジェクト班 E-mail: tanpakuken-kyoten@office.osaka-u.ac.jp