

(様式 1-1)

提出日：2022 年 5 月 13 日

2021 年度 大阪大学蛋白質研究所 拠点事業

## 研究成果報告書

## (1) 事業名 (下記より該当事業名を選択し、ほかは削除して下さい。)

共同研究員

## (2) 研究代表者

氏名： 武田茂樹

所属機関名・部局名・職名：群馬大学 大学院理工学府分子科学部門 教授

## (3) 研究課題名 (申請時に記載したものと同一課題名を記入して下さい。)

バクテリオファージの立体構造解析

## (4) 蛋白質研究所受入担当教員

教員名： 中川敦史 教授 (研究室名： 超分子構造解析学研究 )

山下栄樹 准教授

## (5) 研究成果の概要 (公開)

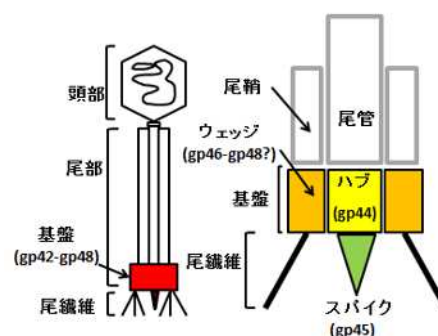
バクテリオファージ Mu は収縮性尾部を持つ *Myoviridae* に属して幅広い腸内細菌を宿主として感染する溶原性のファージである。ネガティブ染色による電子顕微鏡写真からは、正二十面体の頭部、収縮性の尾部、頭部と尾部をつなぐネック、尾部の先端の基盤および尾繊維といった構造が確認できる (図 1)。我々はこの Mu ファージ形態形成機構、感染における宿主認識などを構造的に理解するために、Mu ファージのサブユニットやそれらの複合体の構造解析を行ってきた。

(図 1 →)

Mu ファージは幅広い宿主細菌に感染するために、異なる宿主菌を認識できる 2 種類の尾繊維をもっている。昨年度までに本拠点事業によって、2 種類の尾繊維のうちの 1 つである gp49 とそのシャペロンである gp50 の複合体の構造解析を終えていた。令和 2 年度に明らかにできなかった gp50 の C 末端側ドメイン(94-117)の構造決定のための全長 gp50 の単体での X 線解析、および決定した gp49+gp50 の尾繊維複合体以外の尾繊維、すなわち gp49+gp51、gp52+gp50、gp52+gp51 の結晶化を行った。令和 3 年度は得られた結晶について、結晶解析を行った。

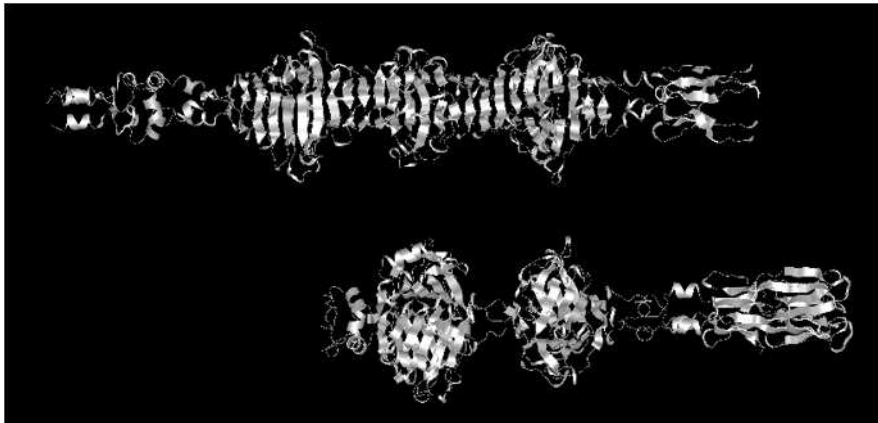
Gp50 単体の結晶 (図 2) は光学顕微鏡による観察では X 線回折実験に適用できそうに見られたが、実際の回折実験では分解能 6 Å 程度の反射しか得られなかった。今後は再度結晶化条件の探索を行う予定である。(図 2 →)

Gp52+gp51 の結晶は六角柱状の結晶であり (図 3)、回折実験では良好な反射を得ることができた。アミノ酸配列から AlphaFold2 によってモデル構造を作り、そのモデル構造を使った分子置換法によって、gp52 の C 端側の宿主菌 LPS に結合するドメイ



ンの立体構造を決定できた。得られた立体構造から、gp52 は gp49 と同様に三量体を形成することがわかった。（図 4）ただし、gp51 の電子密度は得られず、結晶化の際に gp51 は分解してしまったと考えられた。（図 3 →）

今回の構造解析により、Mu フェージの持つ 2 本の尾繊維 gp49 と gp52 の両方の構造が明らかになったことから、両者の構造を比較することで、Mu フェージの宿主認識についての分子的な理解が得られると期待される。



（↑図 4：上は以前に決定された gp49、下が今回決定された gp52 の三量体構造。構造決定以前に予想されていたより両者の立体構造の類似性は低く、宿主菌の LPS への結合の様式の違いが想像できる。）