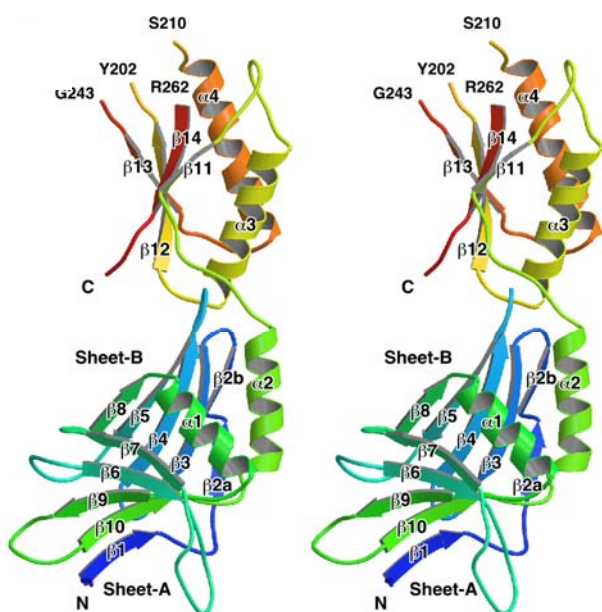


Insights into the stator assembly of the *Vibrio* flagellar motor from the crystal structure of MotY

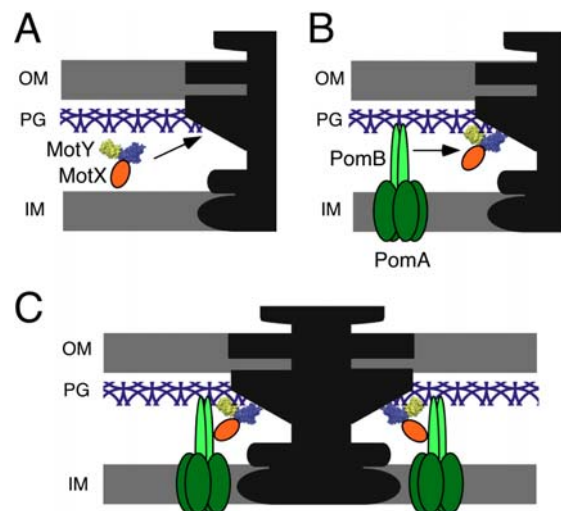
Seiji Kojima, Akari Shinohara, Hiroyuki Terashima, Toshiharu Yakushi, Mayuko Sakuma, Michio Homma, Keiichi Namba and Katsumi Imada

Proc. Nat'l Acad. Sci. USA, **105**, 7696-7701 (2008).

細菌の運動器官であるべん毛は、根元の蛋白質分子モーターにより回転し、推進力を発生する。大腸菌等のモーターは水素イオン流で駆動され、毎分2万回転するのに対して、海洋性ビブリオ菌の極べん毛モーターはNa⁺イオンで駆動し、毎分10万回転と超高速で回る。水素イオンモーターの固定子は2種類の蛋白質で構成されるが、海洋性ビブリオ菌の極べん毛モーターはPomA, PomB, MotX, MotYの4種類が必要である。PomAとPomBはNa⁺チャネルを形成し、MotXとMotYはべん毛基部体と固定子の結合に関与するとされていたが、その機能はよく分かっていなかった。本論文では、モーター固定子構成蛋白質として初めてMotYの構造を2.9Å分解能で解析し、その役割を調べた。MotYはN末(MotY-N)とC末(MotY-C)の2つのドメインでできていて、MotY-Nが新規の構造を示す一方で、MotY-Cはペプチドグリカン(PG)結合モチーフを含み、PalやRmpMといったPG結合蛋白質と非常によく似ていた。構造に基づいてMotY-NとMotY-Cの各ドメイン断片を作成し、その役割を解析したところ、MotY-Nは固定子の回転子周囲への集合と軸受けに結合するために必須であること、MotY-CはPG層に結合することで、固定子-回転子間相互作用を安定化することがわかった。これらの結果から、モーター固定子蛋白質がどのように回転子の周囲に集合し、モーターができあがるかを示すモデルを提案した。



MotYの構造
(ステレオ図 リボン表示)



固定子集合モデル

- A: ペリプラズム領域に輸送された MotX が MotY-N に結合し、MotXY 複合体を作る。
 B: MotXY 複合体は、MotY-N によりべん毛基部体に結合する。MotY-C は構造変化を起こし、ペプチドグリカンに結合する。
 C: PomAB 複合体が MotX に結合し、べん毛モーターが完成する。