



海洋性ビブリオ菌のべん毛モータータンパク質 FliL の動態を解明 ～細菌が持つ極小分子モーターが効率よく回転する分子機構の解明に期待～

【発表のポイント】

- 細菌の運動器官であるべん毛モータータンパク質 FliL の構造動態を解析し、柔軟なリング構造を形成することを世界で初めて発見
- べん毛モーターが効率よく回転し、細菌の運動性を制御する分子機構の理解のヒントとなる知見を提供

【概要】

名古屋工業大学生命・応用化学類の錦野達郎助教、大阪大学大学院理学研究科の竹川宜宏助教、今田勝巳教授、生命創成探究センターの Burton-Smith Raymond 特任助教、村田和義特任教授、名古屋大学大学院理学研究科の小嶋誠司教授、内橋貴之教授、本間道夫名誉教授らは、海洋性ビブリオ菌のべん毛モータータンパク質 FliL の構造動態を明らかにしました。

細菌は、べん毛と呼ばれる繊維状の運動器官をスクリューのように回転させることで運動します。べん毛の回転により、細菌は自身の生育や増殖に有利な環境にたどり着くことができます。べん毛繊維の根元には、べん毛モーターと呼ばれるタンパク質複合体が存在します。固定子複合体は、べん毛モーターを構成するタンパク質複合体の 1 つであり、イオンチャネルとして機能し、その構造変化によってモーターのトルク（回転力）を発生させます。本研究で着目した膜タンパク質 FliL は、細菌周囲の粘度が高く、モーターの回転に負荷がかかる環境において固定子複合体と相互作用し、固定子複合体の構造変化を補助する役割を持つと考えられています。これまでに FliL はリング状の構造を形成することは知られていましたが、どのように FliL のリング状構造が固定子複合体の周りに集合するのかは明らかになっていませんでした。本研究では、クライオ電子顕微鏡と高速原子間力顕微鏡を用いて、FliL のうち、細胞膜外側のペリプラズム空間に存在するドメイン（FliL_C）の構造動態を観察し、柔軟なリング構造を形成していることを見いだしました。

本研究で得られた知見を基に、FliL の機能と固定子複合体への相互作用を明らかにすることで、病原性細菌の運動能を制御し、病原性や感染性の不活化、および生体分子を模倣した極小分子モーターの開発につながると期待されます。

本研究成果は、2026 年 7 月 27 日に国際学術誌 *Molecular Microbiology* のオンライン速報版に掲載されました。

【研究の背景】

数十種類のタンパク質から組みあがる細菌べん毛モーター（図 1）は、非常に高いエネルギー変換効率を持つ直径数十ナノメートルの大きさの分子モーターです。べん毛モーターの回転により、細菌は自身の生育に有利な環境にたどり着くことができます。べん毛の機能は細菌の病原性の発揮にも密

接に関係しています。本研究で用いた海洋性ビブリオ菌のモーターは、細胞膜内外に形成されるナトリウムイオンの電気化学的勾配をエネルギー源として回転します。2種類の膜タンパク質 PomA, PomB からなる固定子複合体がナトリウムイオンチャンネルとして働き、ナトリウムイオンの輸送に伴う固定子複合体の構造変化がモーターのトルク（回転力）を生み出します。べん毛モーターは、粘度の低い液体中だけではなく魚の表面などの粘度が高い環境でも回転し、細菌の運動性を制御します。粘度が高い環境では FliL と呼ばれるタンパク質が固定子複体の周りに集合することで固定子複合体の構造変化を補助しています。これまでに FliL はリング状の構造を形成することは知られていましたが、どのように FliL のリング状構造が固定子複体の周りに集合し、機能するのかは明らかになっていませんでした。

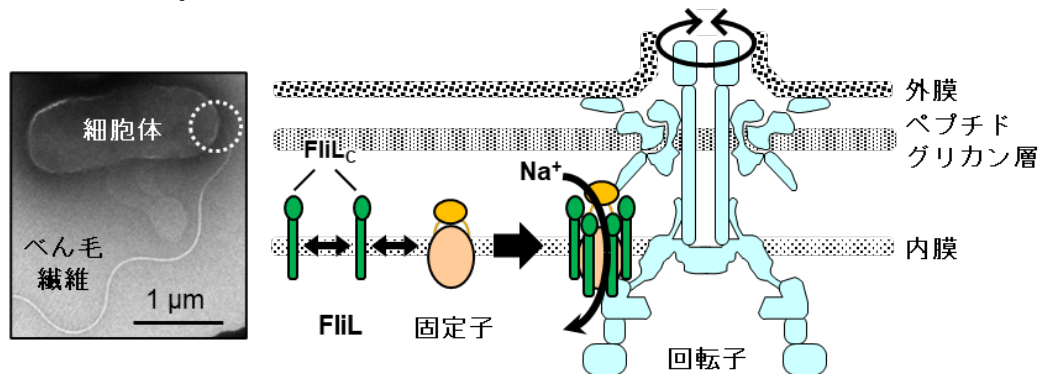


図1：海洋性ビブリオ菌べん毛モーターの模式図

写真はビブリオ菌の極べん毛の電子顕微鏡図。白丸破線で示した部分にべん毛モーターが存在する。

【研究の内容・成果】

本研究では、海洋性ビブリオ菌の極べん毛の FliL のペリプラズム領域 (FliL_C) を精製し、その構造動態をクライオ電子顕微鏡 (*1) と高速原子間力顕微鏡 (*2) を用いて解析しました。クライオ電子顕微鏡により FliL_C 試料を観察すると、10~12 個の FliL_C からなるリング状の複合体が形成されていました (図2)。これらのリング構造体は複数の構造動態を示し、正円を形成しているものや1か所に切れ目が入り対称性が崩れたものが見つかりました。高速原子間力顕微鏡での観察では、10 個程度のサブユニットからなると考えられる正円のリング構造が時間変化に伴い、切れ目が入り対称性が崩れ、さらに元のリング構造に戻ることが分かりました (図3)。

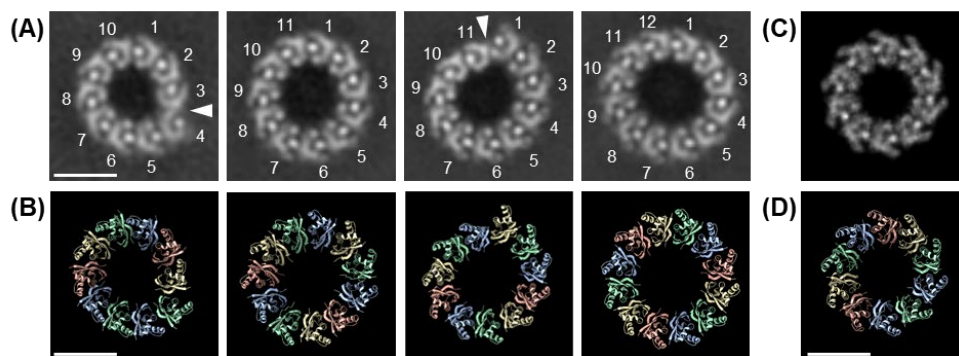


図2：FliL_C のクライオ電子顕微鏡単粒子解析

- (A) リング状 FliL_C の二次元平均投影像。白矢印でリングの切れ目を示した。
- (B) (A) を基にした疑似構造モデル。
- (C) 先行研究により明らかになっている FliL_C の 10 量体構造を基にした疑似二次元投影像。
- (D) 先行研究の FliL_C の 10 量体構造 (pdb_00006ahq)。

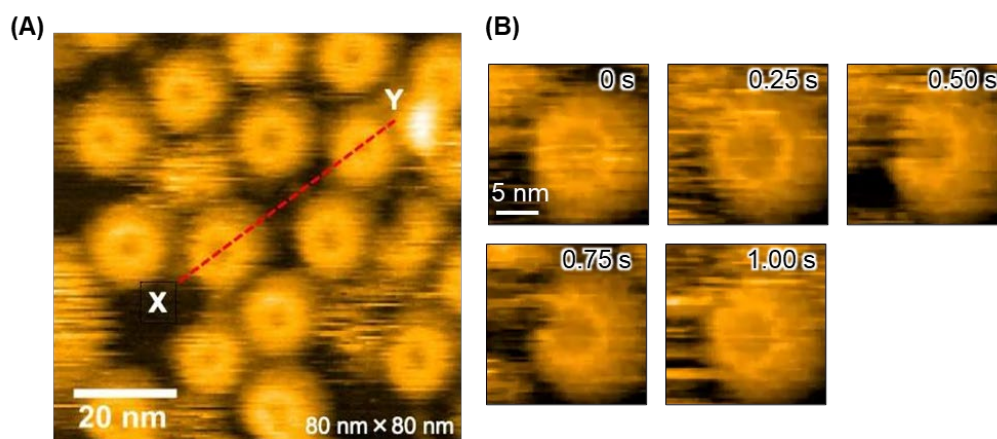


図3：高速原子間力顕微鏡による FliL_c の動態の観察

(A) 代表的な FliL_c リングの観察像。

(B) 時間経過による FliL_c リングの動態変化の様子。

【社会的な意義・今後の展望】

本研究では、リング構造体を形成する FliL が柔軟性を持ち、ダイナミックに構造が変化することを世界で初めて明らかにしました。今後、固定子複合体と相互作用した状態の FliL の構造を明らかにすることにより、粘度が高い状態において FliL が固定子複合体の機能をサポートする分子メカニズムの解明が期待されます。また、これらの知見により、負荷がかかる粘度の高い環境でも高いエネルギー変換効率で回転する分子モーターの仕組みの理解や、将来的な医学・工学分野での利活用に貢献することが期待されます。

【用語解説】

(※1) クライオ電子顕微鏡

細胞やタンパク質などの生体試料を液体エタン等で急速凍結させることで本来の状態や形を保ったまま高い分解能で観察する手法。主に可視光を光源として対象試料にコントラストをつける光学顕微鏡に対し、試料に電子線を照射してコントラストをつけることで原子や分子の大きさに相当する数百ピコメートル（ピコメートルは十億分の一ミリメートル）という極めて小さなスケールの世界を観察できる。タンパク質の構造解析では、単粒子解析と呼ばれる、様々な角度からの試料の投影像を撮影し、画像解析することで2次元および3次元の構造情報を得る手法がよく用いられる。本研究の FliL_c の解析でも単粒子解析の2次元平均投影像を用いている。

(※2) 高速原子間力顕微鏡

観察に用いる試料の表面を探針でなぞることにより、試料表面の凹凸を解析する観察手法。可逆的かつ継続的な測定が可能であり、生理的な条件における試料の動的な構造変化を観察することができる。

【論文情報】

論文名：Detection of Ring Structure and Its Flexibility in Periplasmic Region of FliL, Bacterial Flagellar Stator-Associate Protein, in Marine *Vibrio*

著者名：Tatsuro Nishikino[#], Norihiro Takekawa[#], Raymond Burton-Smith, Yuki Tajimi, Kazuyoshi Murata, Takayuki Uchihashi, Seiji Kojima, Katsumi Imada, Michio Homma* (*責任著者、[#]共同筆頭著者)

掲載雑誌名 : *Molecular Microbiology*

公表日 : 2026 年 7 月 27 日

DOI : 10.1111/mmi.70101

URL : <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/mmi.70101>

【研究支援】

本研究は以下の助成により実施されました：

- ・ 日本学術振興会 科学研究費補助金 (JP23K14158, JP24K09393, JP22H04926, JP23K27140)
- ・ 日本医療研究開発機構 生命科学・創薬研究支援基盤事業 (JP24ama121005)