



小角散乱によるタンパク質水和構造の解析

杉本泰伸¹、松尾龍人²、河野史明²、藤原悟²

¹ 名古屋大学

² 量子科学技術研究開発機構

キーワード：蛋白質、水和構造、X線小角散乱、リゾチーム

1. 背景と研究目的

蛋白質は水溶液環境下で機能を発現するため、常に周辺の溶媒水分子と相互作用をしている。蛋白質周辺の水は、蛋白質との相互作用のため、バルク水とは異なった性質を持ち、蛋白質機能発現に大きな役割を果たす。従って、この水和水の物理化学的性質を明らかにすることは、蛋白質の機能発現の分子機構を理解する上で重要である。X線小角散乱と中性子小角散乱を組み合わせた測定により、蛋白質の水和構造情報を得ることができる[1,2]。我々は、蛋白質水和構造情報抽出を目的とした系統的なX線および中性子小角散乱測定を行ってきた。本研究では、その一環として、X線小角散乱測定を行う。

2. 実験内容

今回のマシンタイムでは、蛋白質試料としてニワトリ卵白リゾチーム (HEWL)を用いたX線小角散乱実験を行った。HEWLは典型的な球状蛋白質の一つであり多くの構造研究がなされているが、溶液中において溶媒の塩濃度により構造が変化する。水和構造抽出の上で、蛋白質自身の構造変化も考慮した解析を行うためには、広角領域まで含めた散乱曲線を測定しなければならない。そこで、2種類のカメラ距離において、H₂O中およびD₂O中の蛋白質試料のX線小角散乱測定を行った。

3. 結果および考察

Figure 1に、H₂O中のHEWLについて長いカメラ距離での測定から得られた散乱曲線と短いカメラ距離での測定から得られた散乱曲線を重ねた図を示す。H₂O中およびD₂O中で、同様の曲線が得られた。一方、Figure 2に示すように、長いカメラ距離で測定された散乱曲線のギニエ解析から得た慣性半径R_gからは、H₂O中の試料とD₂O中の試料のふるまいが異なることが明らかとなった。但し、濃度ゼロ外挿した値は誤差の範囲内で一致するため、H₂O中の試料とD₂O中の試料の違いは、蛋白質間相互作用の違いであり、構造自体は同様であると考えてよい。現在、HEWLの水和構造情報を抽出すべく、既に実施された中性子小角散乱実験と合わせた解析を行っている。

4. 参考文献

- [1] D.I. Svergun, et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **95** (1998) 2267-2272.
- [2] T. Matsuo, T. Arata, T. Oda, and S. Fujiwara, *BIOPHYSICS* **9** (2013) 99-106.

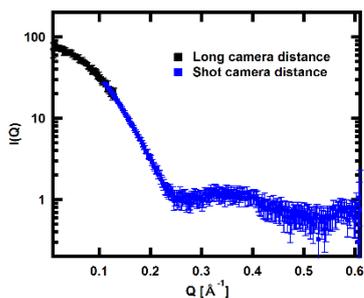


Figure 1. HEWL の散乱曲線

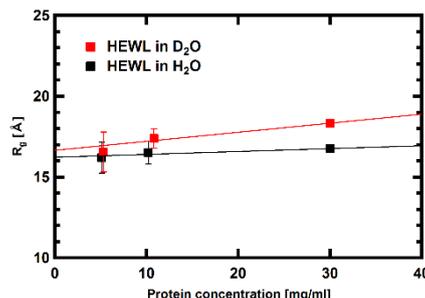


Figure 2. HEWL の慣性半径の蛋白質濃度依存性