実験番号：2020D5026（2 時間）

BL8S3

# X 線小角散乱による酵素蛋白質の 2 量体形成の解析

中川　洋 [1]，玉田　太郎 [2]，花園　祐矢 [2]
1 日本原子力研究開発機構，2 量子科学技術研究開発機構

キーワード：X 線小角散乱，2 量体蛋白質

## 1. 背景と研究目的

受容体や酵素など、活性化には 2 量体形成が必須な蛋白質が存在する。溶液中での 2 量体形成の直接的な観測には、X 線小角散乱による解析が有効である[1]。本研究では、ペプチド切断酵素蛋白質の構造状態を X 線小角散乱で調べた。

## 2. 実験内容

BL8S3 ビームラインを用いて、ペプチド切断酵素蛋白質水溶液の X 線小角散乱実験を行った。X 線波長 1.5Å、検出器 R-AXIS、カメラ長 2.2m で実験を行った。蛋白質溶液の他に、バックグラウンドとして溶媒の測定を行った。試料セルは、キャピラリー(φ2mm)およびカプトン膜で挟み込んだ溶液用のセルで測定を行った。得られた 2 次元散乱データは、円環平均して波数 q(Å$^{-1}$)に対して散乱強度 I(q)のデータを得た。

## 3. 結果および考察

Fig.1 は、5.0mg/ml の濃度で 10 分間露光したデータを用いて解析したギニエプロットである。ここから得られた慣性半径($R_g$)は 26.7±0.03Å であった。この値は、動的光散乱から得られる流体力学的半径ともよく合い、推定される分子量からは単量体ではなく 2 量体として存在していることが推定された。また、得られた X 線小角散乱の結果から、単量体と 2 量体の平衡状態や、特に極端な蛋白質の凝集を示す様子もなく、2 量体の単分散状態にあることが分かった。蛋白質の多量体形成の状態は、蛋白質濃度、温度や溶媒条件など様々な条件によって変化すると考えられる。今後のより詳細な解析として、このようなパラメーターの依存性について調べることは興味深い。

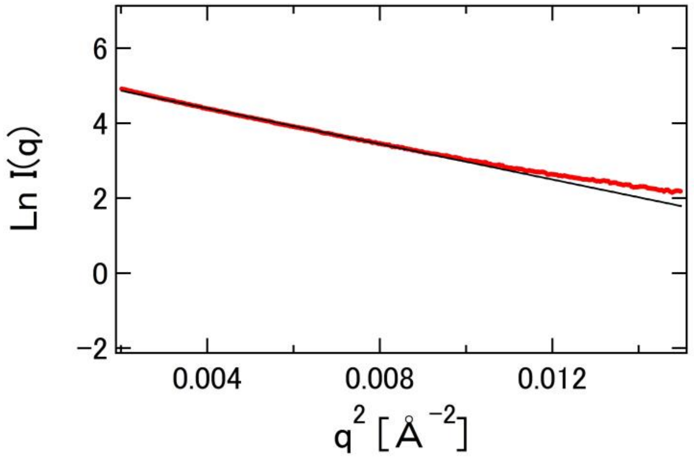


Fig.1 ペプチド切断酵素蛋白質(濃度 5.0mg/ml)のギニエプロット。

## 4. 参考文献

1. Small Angle X-ray and Nutron Scattering from Solutions of Biological Macromolecules (Svergun D I, et al/Ed.), Oxford University Press, 2013