

THZ 光による protein folding 研究

氏名 木原 裕

所属 立命館大学 SR センター

Study on protein folding by THZ

Name Hiroshi Kihara

Affiliation SR center, Ritsumeikan University

<Synopsis>

We propose two projects with terahertz light. The first aim is to investigate protein conformation with terahertz light. Low frequency mode of protein dynamics is crucially important for the understanding of protein structure-function relationship. The second aim is to investigate protein folding, particularly focused on the role of bound water in the intermediate of protein on the foolding pathway.

蛋白質の構造研究にテラヘルツ光が重要な役割を果たすのは間違いない。我々は、そのための予備的実験を行ってきた。蛋白質が立体構造を保持するのが、テラヘルツ領域の信号としてどのようにとらえられるか。それを解明するために、我々は、分子研のテラヘルツ・赤外光のラインで、種々の蛋白質のテラヘルツ領域の吸収スペクトルを測定した。用いた蛋白質は、主に α ヘリックスからなるもの、主に β 構造からなるもの、 α/β の混在したもの、構造を取らないもの、の4分類を行い、それぞれ1種以上の蛋白質を測定した。結果は、違いがあると思われるが、理論的な解析がされていなく、発表に至っていない。もっとS/N比の高い測定をすべく準備をしている。

我々は、蛋白質のフォールディング時にどのようなステップを取ってフォールドするかを主に変性剤希釈法を用いて解明してきた。明らかになってきたストーリーは、「(1) 蛋白質は折り畳みの最初の過程で、コンパクトで、 α ヘリックスに富んだ初期中間体を生成する。この過程は、nativeな状態で α ヘリックスの多い蛋白質だけでなく、nativeでは α ヘリックスを全く持たない蛋白質でも同じである。(2) 初期中間体から、次の中間体（あるいは最終的なnativeな構造）への転移は、一般にあまり速くない。」であった。蛋白質は、当初変性しているときには、多くの水（プラス変性剤）に取り巻かれている。この水が、最初のコンパクト化の時にどれだけ蛋白質の外に排出されるかは、全く実験データがない。また最後の構造形

成のときにもある程度の構造水が外に排出されるのが予測されているが、実験検証はない。これらの水の移動をモニターするのに、テラヘルツは非常に重要なプローブとなりうることが予測されている。これこそ、cERL に最も期待するところである。

最後にもう一つの可能性について言及したい。強力な THZ 光であれば、蛋白質の構造情報を得るためのモニタープローブとして用いるだけでなく、蛋白質分子の特別なモードを活性化する可能性がある。例えば、蛋白質分子の大きな動きを励起する、などといったことが可能になる可能性がある。是非このようなプロジェクトを行いたいと思い、提案する次第である。