

タンパク質結晶構造解析ユーザーグループ

H-protein の高分解能X線結晶構造解析

東浦 彰史¹、倉兼 猛¹、松田 真¹、藤原 和子²、伊中 浩治³、佐藤 勝⁴、小林 智之⁴、
田仲 広明⁵、鈴木 守¹、中川 敦史¹

¹ 阪大・蛋白研、² 徳島大・疾患酵素、³(株)丸和栄養食品、⁴(独)宇宙航空研究開発機構、
⁵(株)コンフォーカルサイエンス

近年、高輝度かつ低発散角のシンクロtron放射光、極低温での X 線回折実験、結晶化法の改良、結晶学的構造精密化技術の改善などにより、X 線結晶構造解析によって得られる蛋白質構造の分解能が大きく改善された。分解能の向上により情報量が飛躍的に増加し、異方性温度因子の導入など、精度の高い構造精密化を行うことが可能となる。さらに結合距離、結合角などの束縛を緩めた構造解析を行うことができ、低分子由来の立体化学に依存しない蛋白質特有の立体化学に新たな知見を与える可能性がある。我々は結晶化、X 線回折強度データ測定、構造解析を高分解能で行うことにより、高分解構造解析のための汎用的な手法の提案や他の低分解能蛋白質の構造解析への応用、さらには高分解能構造から蛋白質特有の立体化学に関する新たな知見を得ることを目的として、Bovine 由来グリシン開裂酵素系 H-protein の高分解能 X 線結晶構造解析を行った。Photon Factory の BL-5A で X 線回折強度データ収集を行い、最大 0.80 Å 分解能の回折点を観測した。0.88 Å 分解能のデータを用いて構造解析を行い、 $R_{work}=11.6\%$ 、 $R_{free}=13.4\%$ で構造を決定することに成功し、16 個のマルチコンフォーマーを観測し、約 30% の水素原子の可視化に成功した。現在、得られた高分解能構造をさらに詳細に検討している。