

放射光 X 線デジタルトポグラフィによる  
タンパク質結晶中の結晶欠陥の解析  
Analysis of crystal defects in protein crystals  
by synchrotron X-ray digital topography  
○藤居大毅<sup>1</sup>、澤浦拓也<sup>1</sup>、若生啓<sup>2</sup>、小島謙一<sup>2</sup>、橘勝<sup>1</sup>  
1 横浜市立大学、2 横浜創英短大

タンパク質の結晶化やその完全性は構造解析におけるボトルネックとなっている。結晶欠陥のキャラクタリゼーションは結晶化やその完全性の改善に向けて極めて重要である。我々のグループでは放射光 X 線トポグラフィによってタンパク質結晶の結晶欠陥、特に転位の観察やバーガス・ベクトルの決定に世界ではじめて成功した[1]。さらに最近では放射光 X 線デジタルトポグラフィシステムの構築によりタンパク質結晶の完全性に関するより詳細な議論ができるようになった[2,3]。本発表では、放射光デジタルトポグラフィによる局所的ロッキングカーブの解析から、転位をはじめとして成長境界、結晶端などの主な結晶欠陥に付随する局所的ブラッグ角のずれの大きさの定量的な評価について報告する。

図1にトポグラフ上の転位像とその部分の局所的ロッキングカーブを示す。それぞれのピーク位置に対応するデジタルトポグラフから、低角側のピークが完全性の高いマトリックスに対応し、高角側のピークが転位に対応することがわかった。このことから完全性の高いマトリックスに比べて転位部分ではブラッグ角がおおよそ  $8 \times 10^{-3}$  度ずれていることが明らかとなった。また、これらの2つのピークのそれぞれの半値幅は  $4 \times 10^{-3}$  度と  $7 \times 10^{-3}$  度である。マトリックス部分の半値幅はこれまでに報告されている完全性の高い小さな結晶のそれと同程度である。一方、転位部分の半値幅はマトリックスのそれの約2倍程度と大きい。これは転位の回りの広範囲に及ぶ結晶面のずれを考えるとよく理解できる。当日は、これらのより詳細な解析とその他の欠陥の解析結果についても報告したい。

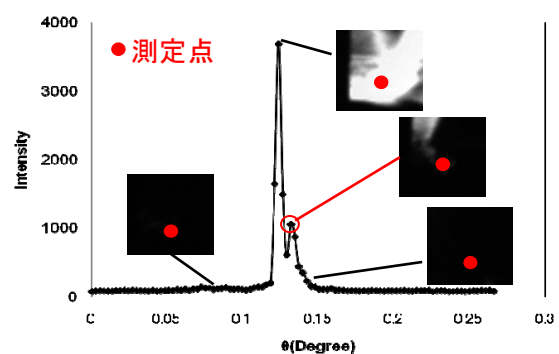


図1 局所的ロッキングカーブに対応するトポグラフ図

- [1] T. Sawaura, D. Fujii, M. Shen, Y. Yamamoto, K. Wako, K. Kojima and M. Tachibana, Journal of Crystal Growth, (in press)  
[2] K. Wako, K. Kimura, Y. Yamamoto, T. Sawaura, M. Shen, M. Tachibana and K. Kojima Physica Status Solidi A, (to be submitted)  
[3]橘、PF 研究会、タンパク質結晶の X 線トポグラフィとその現状、2011 年 1 月 11 日