

中性子構造解析の現状と展望

Current Status and Prospect of Neutron Protein Crystallography

栗原和男, 玉田太郎, 大原高志, 黒木良太

Kazuo Kurihara, Taro Tamada, Takashi Ohhara, Ryota Kuroki

(日本原子力研究開発機構)

(Japan Atomic Energy Agency)

e-mail: kurihara.kazuo@jaea.go.jp

X線回折が原子核を取り巻く電子からの散乱によって生じる回折現象であるのに対し、中性子回折は原子核そのものとの相互作用によって生じる回折現象である。したがって同じ原子を観測してもその位置や見え方に特徴的な差が生じる。水素原子の中性子散乱長は炭素や酸素原子などと同程度であるため、中性子結晶構造解析では水素原子を通常の2Å程度の分解能でも容易に決定できる。またこの2つの方法で観測された水素原子の位置は、C-H結合においては通常0.1Å強の差が見られる。また特殊な環境に存在する酵素の触媒基の電子状態と原子核の位置にどのような違いがあるのかは大変興味深い。このように中性子とX線の特徴的な違いをうまく利用した構造解析を行えば、タンパク質が関与する様々な生命反応をより深く理解することができるようになると思われる。我々は中性子とX線の相補的な性質を利用した立体構造解析をN-X構造解析と呼び、医学生物学的に重要なタンパク質の立体構造解析を進めている。そのような対象としては、酵素の触媒反応を担う触媒基の役割の解明、電子伝達タンパク質の機能を担う補酵素の役割の解明、分子認識におけるタンパク質水と水の役割の解明などが上げられる。これらの分野を対象としたN-X構造解析への取り組みを紹介するとともに、現在稼働中の定常炉中性子を用いた生体高分子用中性子回折装置による研究成果と近年稼働を開始した大強度陽子加速器施設に設置された茨城県生命物質構造解析装置の紹介を行う。

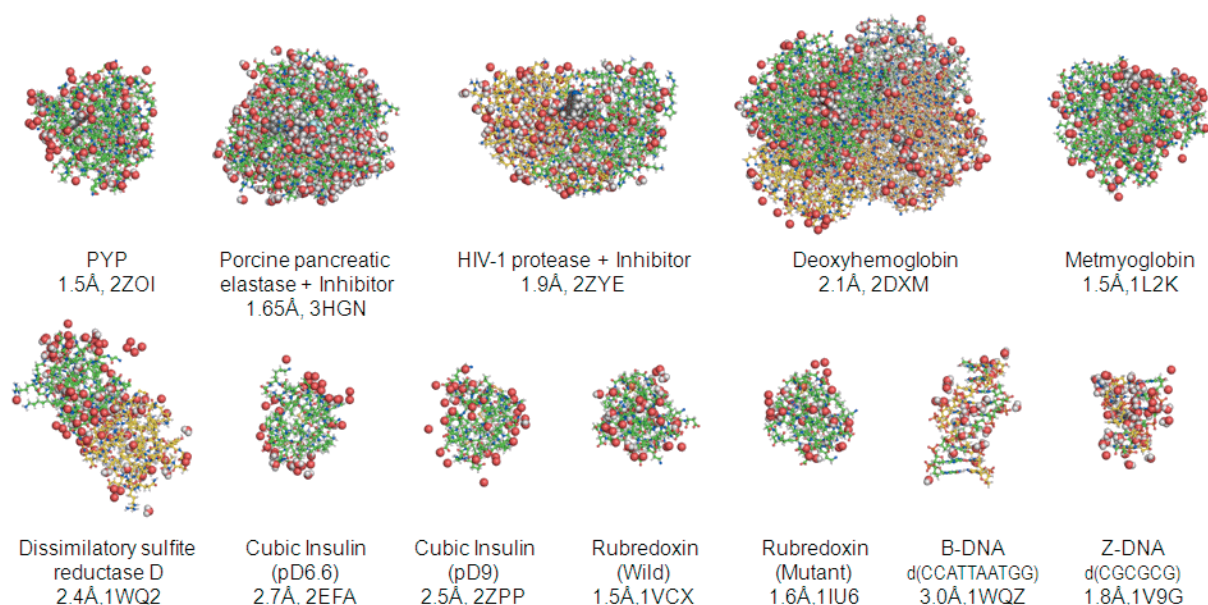


図1 定常炉(JRR-3)設置の生体高分子用中性子回折装置(BIX-3, 4)により解かれた構造例