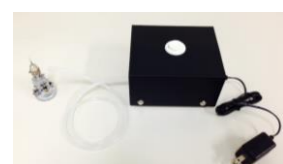
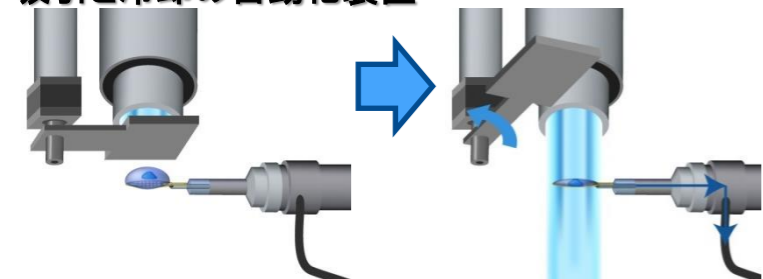


非標識タンパク質構造解析 (S-SAD法)

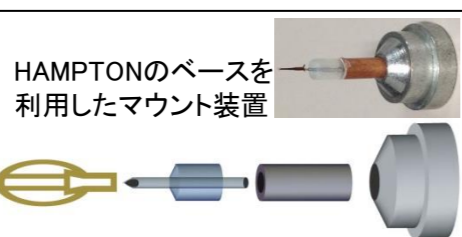
[技術の概要]

S-SAD法は、イオウの異常散乱を利用して構造解析を行う方法である。タンパク質を標識する必要がないので重原子置換ができない結晶に対し、特に有効である。この方法では異常散乱シグナルを強めるために長波長X線を使うが、その際に、結晶周りの溶液による吸収を抑える必要がある。S-SAD法用に開発した「溶液フリー結晶マウント装置」、「自動吸引冷却装置」は、いずれも放射光施設に設置済みであり、これを利用した回折データ収集および構造解析の支援を行う。

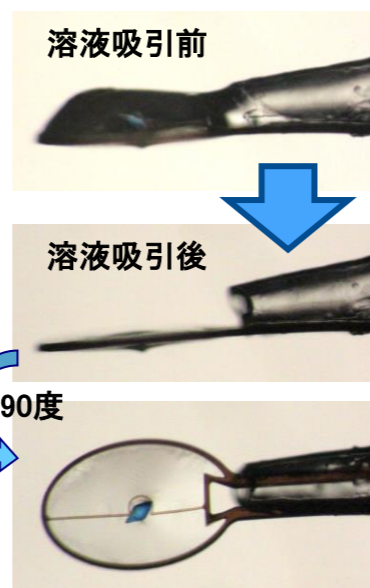
吸引と冷却の自動化装置



自動吸引装置



HAMPTONのベースを利用したマウント装置



溶液吸引前

溶液吸引後

90度

支援に供する設備

- ・S-SAD用溶液フリー結晶マウント装置 (PF、SPring-8)
- ・S-SAD用自動吸引冷却装置 (PF、SPring-8)
- ・あいちシンクロトロン光センター ビームラインBL2S1
- ・Crターゲット回折装置 (北海道大学大学院先端生命科学研究院)

[技術の利用例]

S-SAD法による構造解析例
(PF長波長ビームラインBL1A)

SmDG

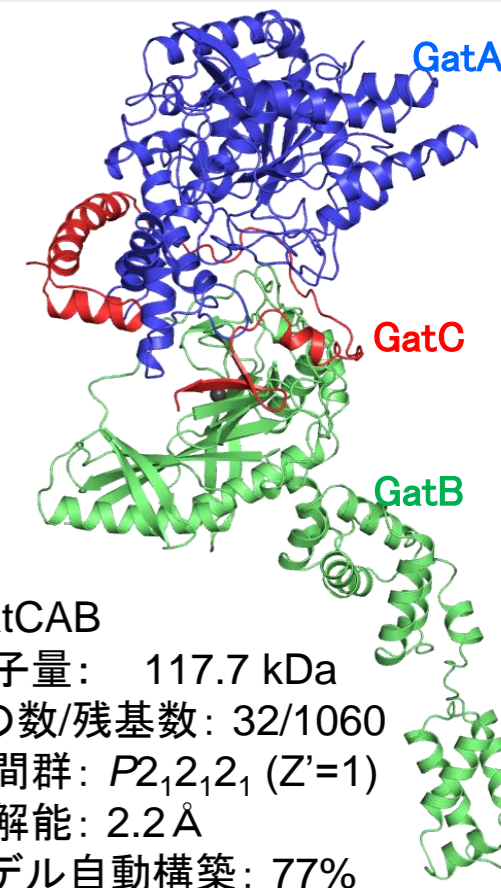
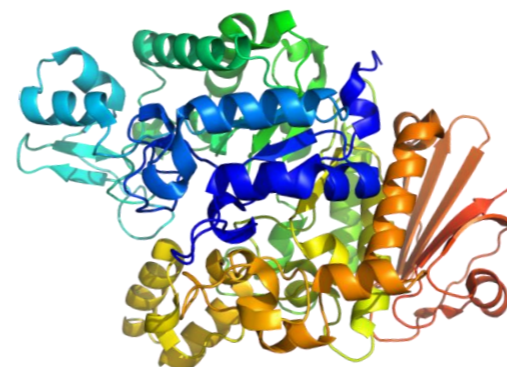
分子量: 56.2 kDa

Sの数/残基数: 22/543

空間群: $P2_12_12_1$ ($Z'=1$)

分解能: 2.4 Å

モデル自動構築: 79%



GatCAB

分子量: 117.7 kDa

Sの数/残基数: 32/1060

空間群: $P2_12_12_1$ ($Z'=1$)

分解能: 2.2 Å

モデル自動構築: 77%

連絡先

- [所属] 1. 北海道大学大学院先端生命科学研究院
2. 名古屋大学シンクロトロン光研究センター

[名前] 田中 勲¹、姚 閔¹、渡邊信久²

[E-mail] tanaka@castor.sci.hokudai.ac.jp
yao@castor.sci.hokudai.ac.jp
nobuhisa@nagoya-u.jp