

1 および 2 残基置換による熱安定化 BPTI 変異体の分子動力学シミュレーション解析

黒田研究室

学籍番号 : 06251057

馬場美香

[背景・目的]

タンパク質の熱安定性は、アミノ酸配列情報と立体構造により決まる。しかし立体構造の第一原理からの予測は難しく、タンパク質の安定化に関するポテンシャルの理解は未だに発展途上である。従って、アミノ酸配列中でどの残基が安定化に特に寄与しているのかを理論計算から解明することは重要である。本研究では、構造や運動性に局所的でわずかな影響しか与えない1および2残基置換による熱安定性の変化を理論計算によって評価できることを考え、全58残基から成るBPTI-[5,55]Alaタンパク質の4つの変異体の分子動力学シミュレーションを行った。

[5,55]Ala:	...TGPAKARI ¹⁴ ...TFVYGG ³⁸ RAK...
A14G:	...TGP ^G KARI ¹⁴ ...TFVYGG ³⁸ RAK...
A38V:	...TGPAKARI ¹⁴ ...TFVYGG ³⁸ VRAK...
A14GA38V:	...TGP ^G KARI ¹⁴ ...TFVYGG ³⁸ VRAK...

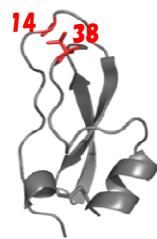


図1 : BPTI 変異体の配列及び構造。

	Tm(K)	$\Delta HTm(kJ/mol)$
[5,55]Ala	312.40	152.22
A14G	325.41	218.44
A38V	316.77	146.71
A14GA38V	326.03	226.75

表1 : pH4.7 で実験的に求められた熱力学パラメータ

[手法]

本研究ではシミュレーション結果と実験的に求められた熱安定性の関係を以下のように調べた。解析に用いた4種類の変異体は、BPTI-[5,55]Alaのほか、14番目、38番目残基をそれぞれGly、Valに置換し変性温度(T_m)が13°C近く上昇したA14GA38V変異体、ほぼ同様の熱安定化を示す14番目のみを置換したA14G変異体、38番目のみを置換しわずかに安定化したA38V変異体である(表1)。さらに初期構造作成に3種類のBPTI結晶構造を用いた。A14G、A14GA38V変異体二つの結晶構造を用いたものをOriginalとし、その他にProtein Data Bankに登録されている結晶構造から選んだ2種類を5PTI、7PTIとし、3種類の構造モデルそれぞれにつき4つの変異体を作成した(計12個)。計算には分子動力学シミュレーションソフトウェアAmber9.0を用い、理化学研究所のMD-GRAPE3上にて300Kの温度で150ナノ秒間行った。

[結果・考察]

解析の結果、14残基目を含むループ部分と38残基目を含むループ部分において局所的な構造の違いが見られ、 β シートおよびヘリックス部分には変異体間で大きな差異は見られなかった。14番目と38番目のC α 原子距離の分布を取ると、A14GとA14GA38V変異体では6.5~7Åを中心とした値に集中する傾向にあった(図2)。また、この距離が5.0Å近くまで狭くなるような構造が存在した(図2:分布の左肩)。一方[5,55]AlaおよびA38V変異体ではこの距離の分布は初期構造に依存していたが、どの初期構造でも距離は多くの場合広い値まで分散し、5Åまで狭くなるものはあまり見られなかった(図3)。これらのことから、14番目にGlyを入れることにより残基の立体障害が緩和され分子間相互作用が強まり、二つのループがより近づいた形で固定されやすくなる結果、安定化することが推察できる。また、Original、5PTI、7PTIの3種類の結晶構造において主鎖構造の一一致度を表すRMSD値(Root mean square deviation)が0.5Å程度とほとんど変わらないにも関わらず、変異体によっては計算結果の初期構造依存性が見られた。このことから、構造への影響が小さいと推定した1および2残基の変異による安定性の変化の評価であっても、広いエネルギー空間における遷移を可能とする十分なサンプリングを行う必要性が強く示唆された。

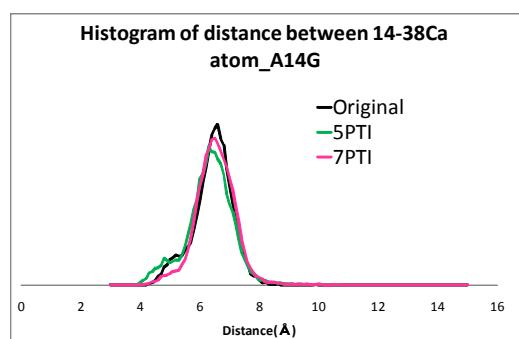


図2

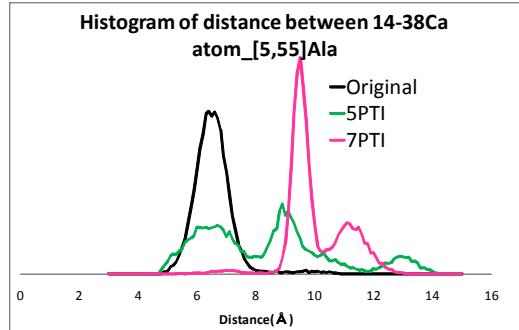


図3