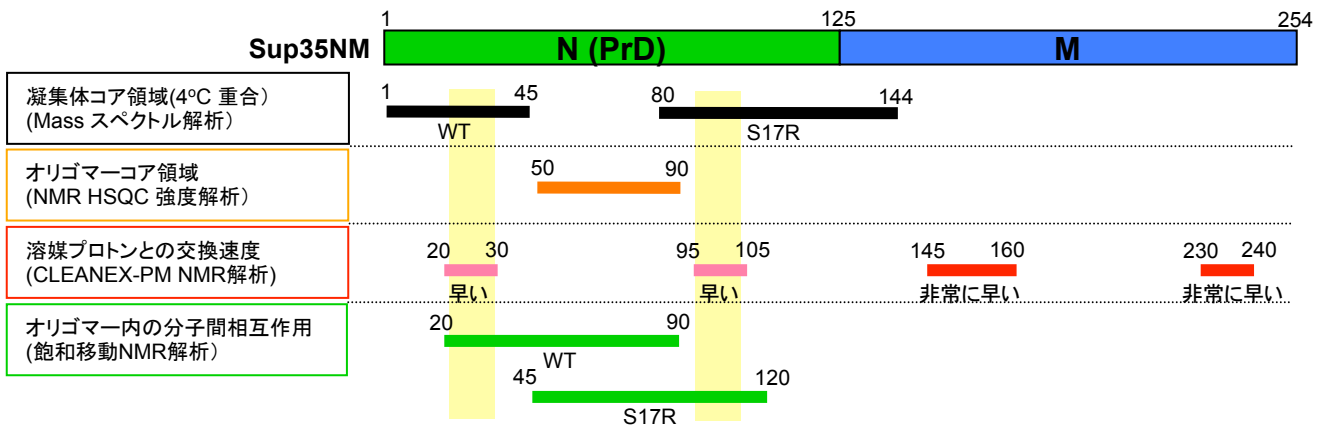


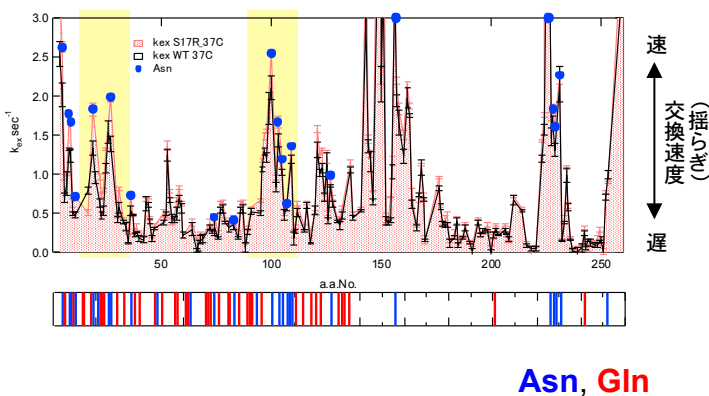
# 蛋白質の凝集体形成における揺らぎの役割を解明

研究分担者: 独立行政法人理化学研究所・脳科学総合研究センター 大橋祐美子

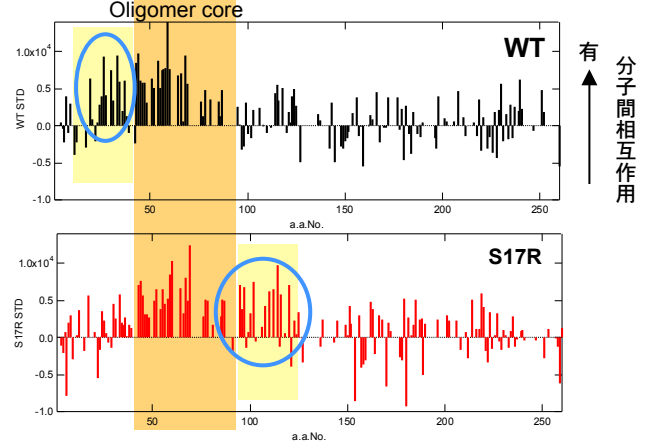
## 1. 明らかになったオリゴマー及び凝集のコア領域と、構造、揺らぎ情報のまとめ



## 2. モノマーのCLEANEX-PM(NMR)測定から分かった蛋白質アミドプロトンと溶媒プロトンの交換速度 $k_{ex}$ (sec<sup>-1</sup>)



## 3. 飽和移動NMRで見たオリゴマー内の分子間相互作用の違い



## 解説

- 1アミノ酸置換S17Rによって誘導されるSup35-NMの凝集体多形について、前駆体蛋白質モノマー及びオリゴマーの揺らぎに着目した研究を行った。
- 以前の研究から凝集体コア形成には、ある程度の揺らぎが必要であるとの結果を得ていたが、本年度の研究からは、揺らぎが大きすぎることもまた、凝集体コア形成の妨げとなることが示された。
- 中程度に速いアミドプロトンの交換速度を持つ領域が分子内に二箇所存在することがCLEANEX-PM測定から示され、そこはアスパラギン残基の集まる領域であった。
- 飽和移動NMRではオリゴマー内でオリゴマーコアの外側にも分子間相互作用があることがわかり、WT、S17Rでそれぞれ異なる領域に位置していた。
- 凝集体コア、中程度に速い交換速度を持つ領域、オリゴマー内の分子間相互作用の領域は完全に一致し、この領域が凝集の起点となっていることが示唆された。