

レポート課題

キモトリプシンは、2つの「ドメイン」からなる構造をとっている。

実習で使用した2CHA.pdbをRasMolで観察し、2つのドメインの範囲を指摘せよ。

(解答例)

ドメイン1：残基 1-20, 41-100

ドメイン2：残基 21-40

生体高分子構造論

α ドメイン構造

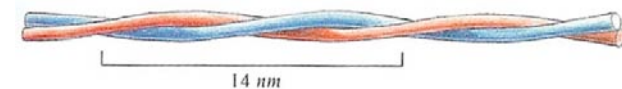
3章 α ドメイン構造

ここでは可溶性タンパク質の α ドメイン構造をみる

α ヘリックスからなる構造には、膜タンパク質もある

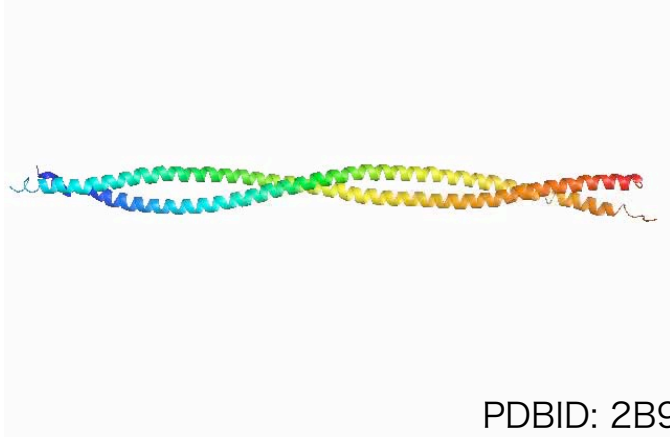
コイルドコイル構造

2本の α ヘリックスが巻きついたもの

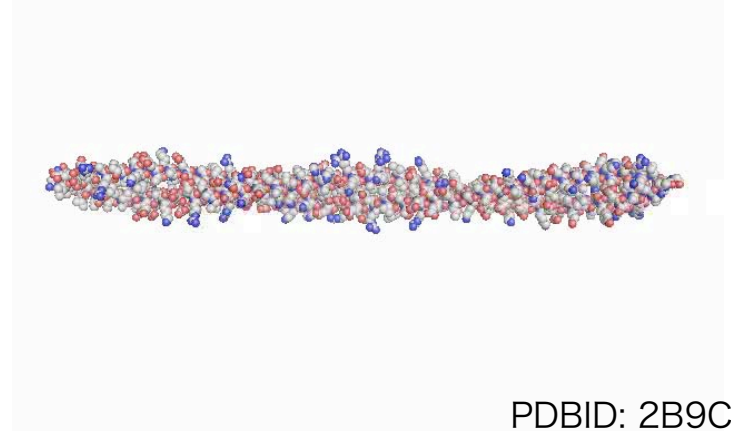


左巻きの「超らせん」

例：トロポミオシンの構造



例：トロポミオシンの構造



ちよと寄道

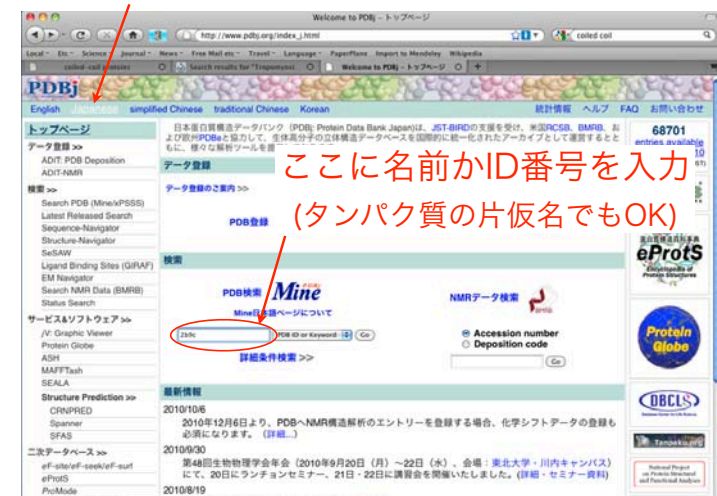
タンパク質構造のデータベース
Protein Data Bank (PDB)と
その利用法

日本のサーバー (大阪大学蛋白質研究所にある)

<http://www.pdbj.org/>

タンパク質構造のデータベース(PDB)

「日本語」表示も可能



ここに名前かID番号を入力
(タンパク質の片仮名でもOK)

“2b9c”の検索結果

ここをクリックすると、別ウィンドウでモデルが表示される

ここをクリックすると、座標データが取得できる (「別名で保存」する必要があるかも)

検索結果 (FASTA形式) PDBファイルのダウンロード

分子名称 striated-muscle alpha tropomyosin
 タイトル Structure of topomyosin's mid-region: bending and binding sites for actin
 機能のキーワード alpha-helix, coiled coil, aisin/axial stagger, radius, side-chain packing, crystal packing, temperature factor, cardiomyopathy, elongated protein, CONTRACTILE PROTEIN
 由来する生物種 Rattus norvegicus (Norway rat)
 細胞内の位置 [LNP - P04690] Cytoplasmic cytoskeleton

3次元構造ビューア
 Jv3 / Jmol
 Jv3 と Jmol には Java(TM) Plugin 1.5以上が必要です。

250X250 500X500
 90度回転

実験手法 X-RAY DIFFRACTION (2.300Å)
 CATH: CP_0559 - SCOP: 1A2T - UniProt: P04690

構造モデルの表示画面

スタイル: Default Cartoon Wireframe CPK_without_water CPK
 色: Default group chain atom

回転したりも可能

寄道終了

コイルド・コイルの続きに戻る…

7残基の反復 (heptad repeat) 構造

ヘリックスの一巻: 3.6残基⇒3.5残基

DNA結合タンパク質
 GCN4の一次構造の繰り返し

	a	b	c	d	e	f	g
NH ₂ -	Met	Lys	Gln	Leu	Glu	Asp	Lys
	Val	Glu	Glu	Leu	Leu	Ser	Lys
	Asn	Tyr	His	Leu	Glu	Asn	Glu
	Val	Ala	Arg	Leu	Lys	Lys	Leu
							COOH

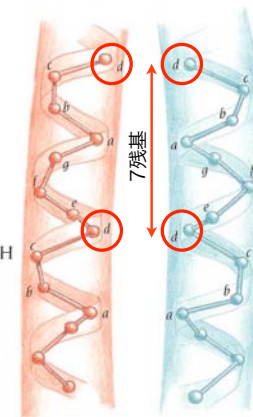
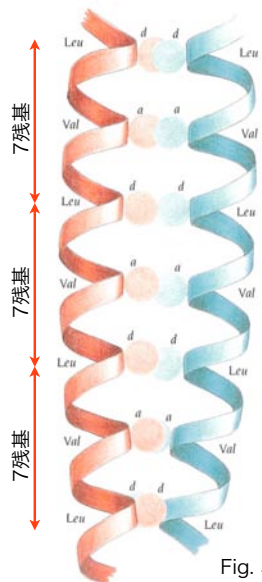


Fig. 3-2



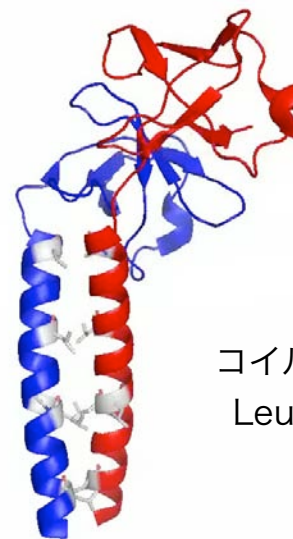
ロイシン・ジッパー

d は d と, a は a と密着…

d残基 : leu か Ile

a残基 : 疎水性

Fig. 3-3



GCN4の全体構造

コイルドコイル部分の
Leu残基のみを表示

PDBID: 2WG6

コイルドコイル構造を安定化している仕組み

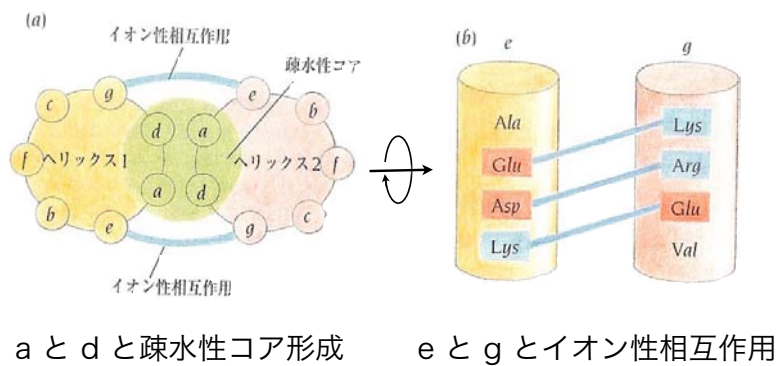


Fig. 3-4

コイルドコイル構造の「こぶと穴」モデル

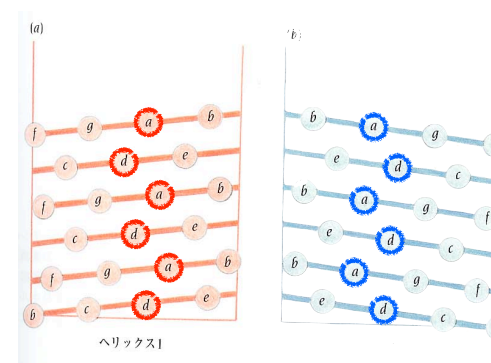


Fig. 3-5

コイルドコイル構造の「こぶと穴」モデル

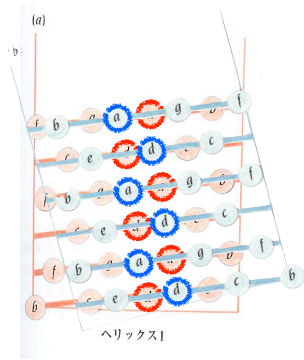


Fig. 3-5

コイルドコイル構造の「こぶと穴」モデル

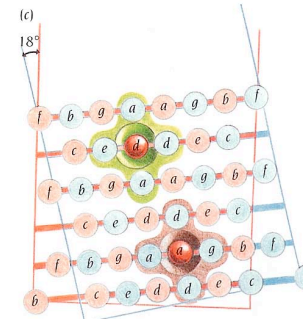
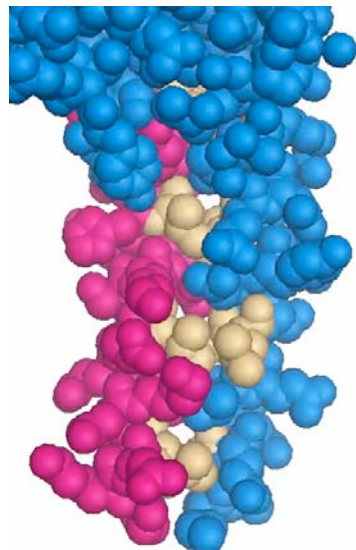


Fig. 3-5



“こぶと穴”の実際

GCN4の2本のヘリックス

Leu残基のみ小麦色で表示

4本 α ヘリックスの束構造

four-helix bundle



Fig. 3-6

4本の内側に疎水性残基が埋め込まれる

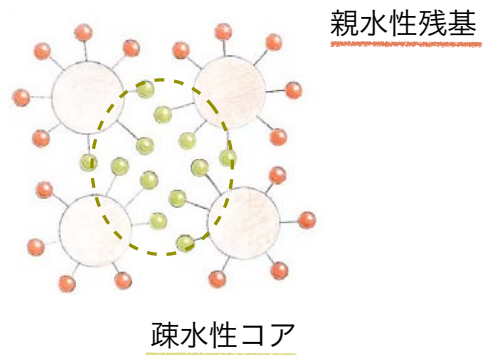


Fig. 3-6

4本 α ヘリックスの束構造の例

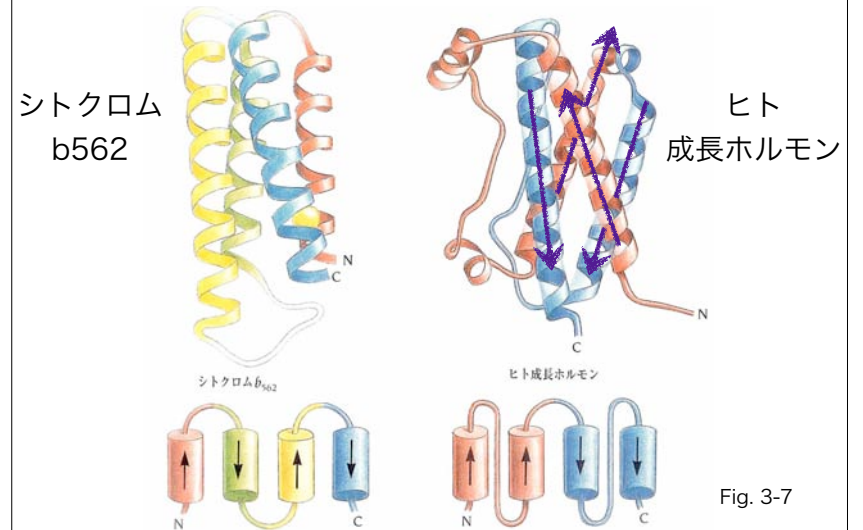


Fig. 3-7

α ヘリックスの充填形式

縁と溝モデル

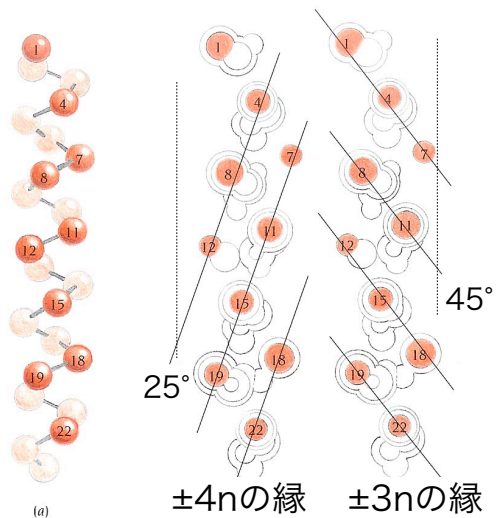
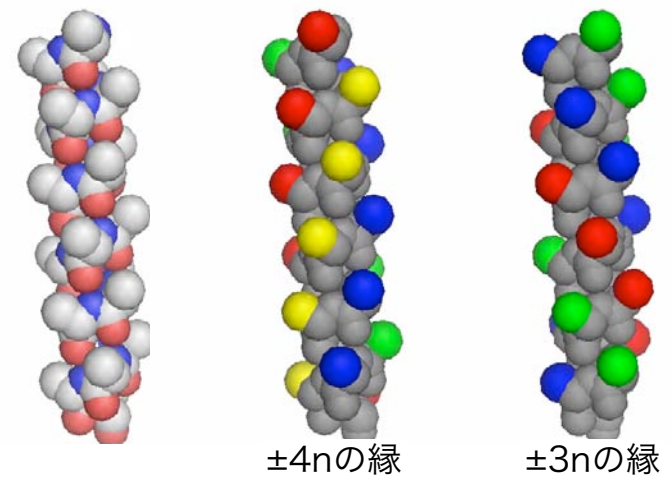


Fig. 3-11

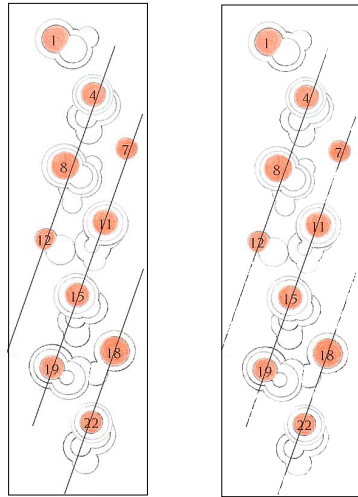
ヘリックスの縁



α ヘリックスの充填形式

縁と溝モデル(1)

$\pm 4n$ の縁



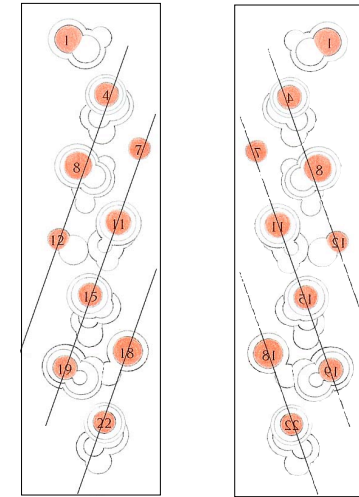
$\pm 4n$ の縁

Fig. 3-11

α ヘリックスの充填形式

縁と溝モデル(1)

$\pm 4n$ の縁



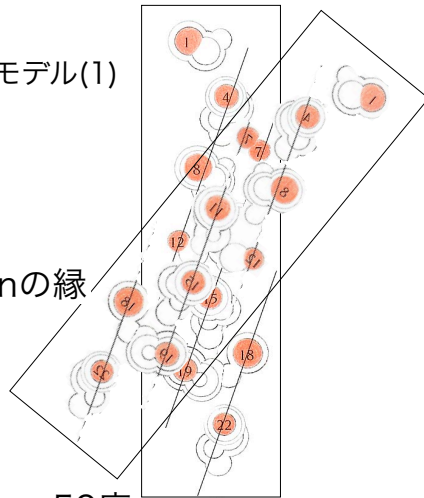
$\pm 4n$ の縁

Fig. 3-11

α ヘリックスの充填形式

縁と溝モデル(1)

$\pm 4n$ の縁

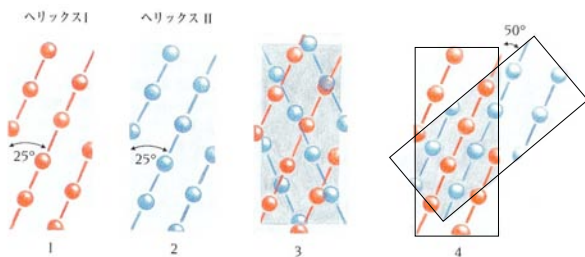


50度

$\pm 4n$ の縁

Fig. 3-11

縁と溝モデル (1)



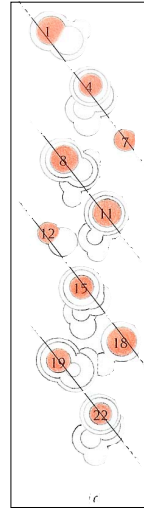
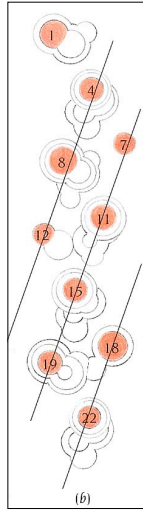
$\pm 4n$ の縁 $\pm 4n$ の縁

Fig. 3-12

α ヘリックスの充填形式

縁と溝モデル(2)

$\pm 4n$ の縁



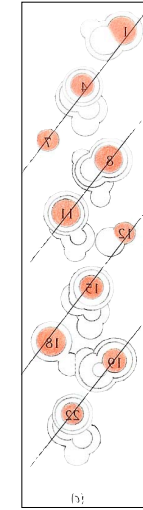
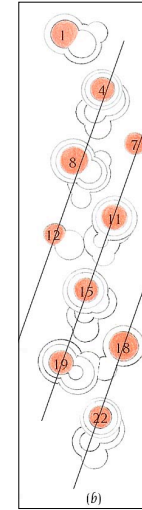
$\pm 3n$ の縁

Fig. 3-11

α ヘリックスの充填形式

縁と溝モデル(2)

$\pm 4n$ の縁



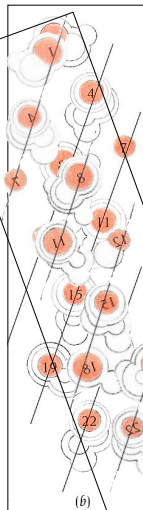
$\pm 3n$ の縁

Fig. 3-11

α ヘリックスの充填形式

縁と溝モデル(2)

$\pm 4n$ の縁

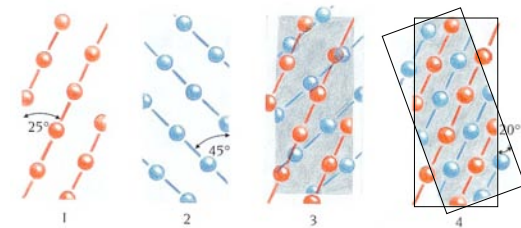


$\pm 3n$ の縁

20度

Fig. 3-11

縁と溝モデル (2)

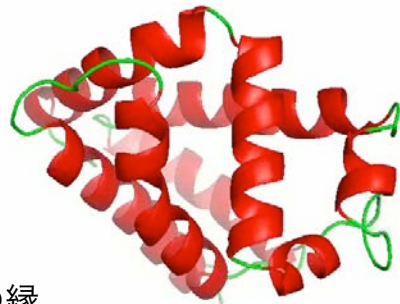


$\pm 4n$ の縁

$\pm 3n$ の縁

Fig. 3-12

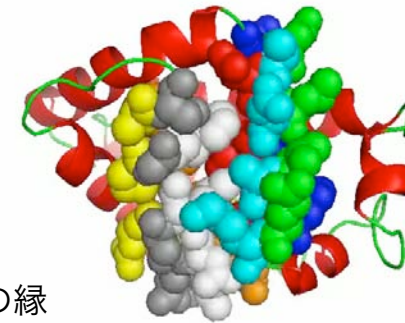
ミオグロビンのヘリックス充填



±4nの縁

PDBID: 1MBA

ミオグロビンのヘリックス充填



±4nの縁

52度で交差

コイルドコイル2つからなる4本αヘリックスもある



こぶと穴モデル

縁と溝モデル

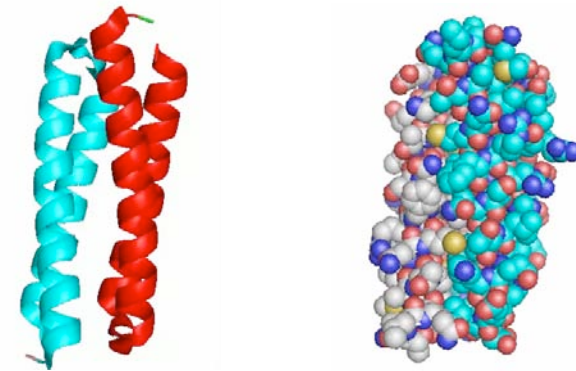
Fig. 3-8

Ropタンパク質の構造

2本のヘリックスのサブユニット
2つで形成される

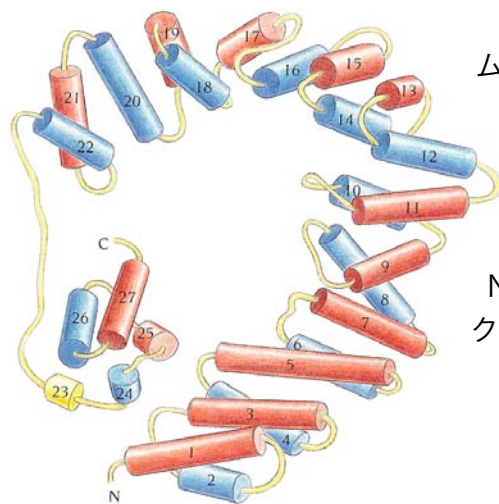
Rop分子

実際には「スカスカ」じゃない!



PDBID: 1ROP

大きい α ヘリックス・ドメイン



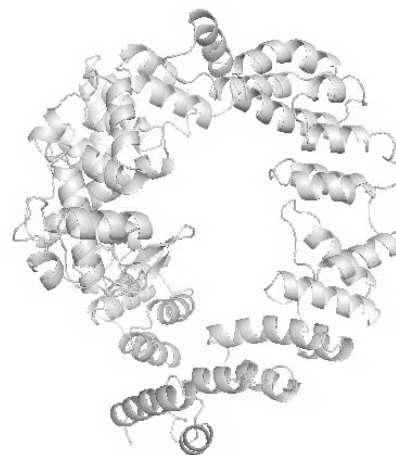
ムラミダーゼの構造

618残基

N末450残基の α ヘリックス27本が右巻き超らせん構造を形成

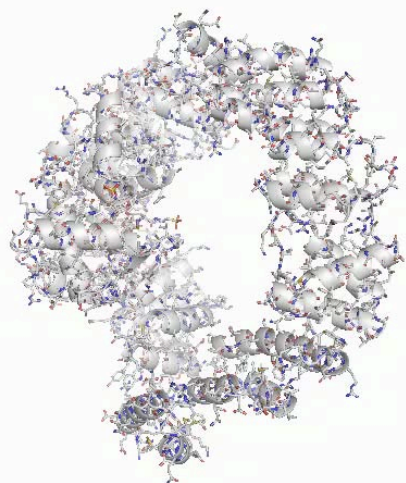
Fig. 3-9

ムラミダーゼの実際



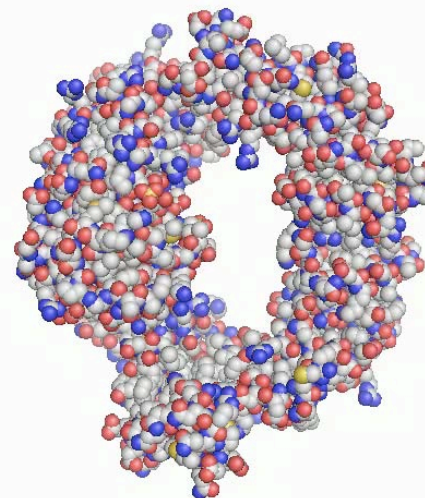
PDBID: 1SLY

ムラミダーゼの実際



PDBID: 1SLY

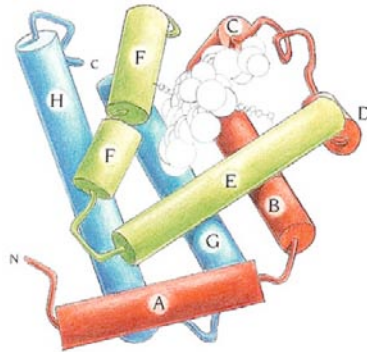
ムラミダーゼの実際



PDBID: 1SLY

グロビン・フォールド

globin fold : 8本の α ヘリックス

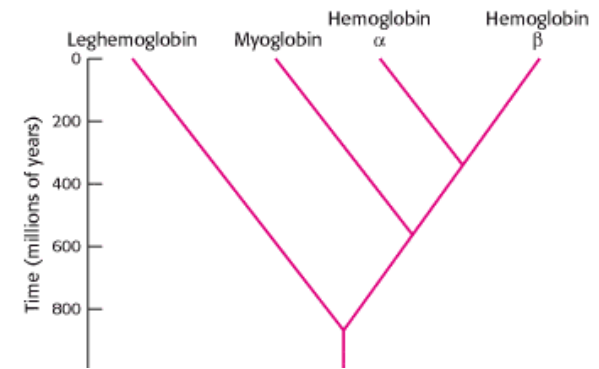


ミオグロビン,
ヘモグロビン

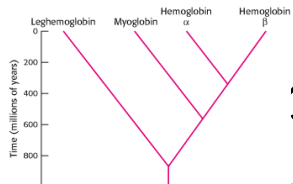
規則性はなく
単純ではない

Fig. 3-10

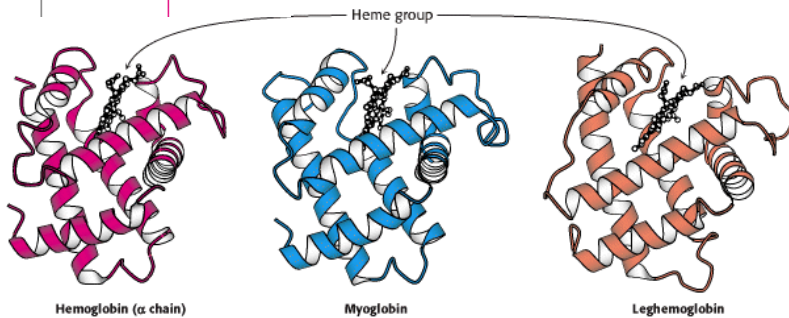
グロビンの進化系統樹



Stryer Biochemistry, Fig 7.20



グロビンの分子構造



Stryer Biochemistry, Fig 7.13

グロビン型折りたたみ

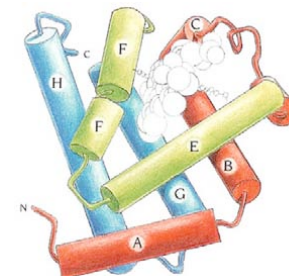
16%の配列相同性でも同じ構造を示す

構造形成に重要な位置にある
残基は保存されているか?

NO !

分子内部のアミノ酸の「疎水性」
は保存されている

局所的な側鎖の変異には
ヘリックス全体が移動して適応

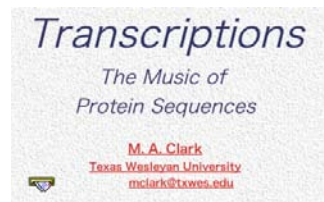


全くのおまけ…

タンパク質構造を音楽で表現



http://whozoo.org/mac/Music/Primer/Primer_index.htm



<http://whozoo.org/mac/Music/index.htm>