

Laboratory-scale SAXS による SEC-SAXS 法及び AUC-SAS 法への アプローチ

¹井上倫太郎、²中川達央、¹守島健、¹佐藤信浩、¹奥田綾、

¹裏出礼子、³尾本和樹、³伊藤和樹、¹杉山正明

¹京都大学複合原子力科学研究所、²UNISOKU、³RIGAKU

小角 X 線散乱法 (SAXS) は生体内同様の溶液中における目的タンパク質を測定できる利点を有する。一方、SAXS によるタンパク質の精密構造解析を進める際に最も大きな足かせとなるのは、溶液中で形成される凝集物の寄与である。特に、凝集物の共存下では解析上の様々な仮定無しには目的タンパク質の精密構造解析を行うことは現実的に不可能である。そのような状況を打開するため、サイズ排除クロマトグラフィーカラム (SEC) から溶出したサンプルを直接 SAXS セルに導入する SEC-SAXS 法が約 10 年前に開発され、国内外の放射光施設における標準測定システムとなり様々な有用な成果が得られている。一方、SEC-SAXS 測定に対する要求が高まったと同時に慢性的なビームタイム不足と言う新たな問題が生じた。この問題の解決法として、ラボスケールの SAXS 装置に SEC-SAXS システムに組み込むことが考えられる。特に、最近のラボスケールの SAXS 装置も集光技術等の性能向上に伴い放射光施設の SAXS 装置と比較して X 線の輝度では 1/100 程度までに迫ってきている。そのため、SEC の流速・露光時間・セルの形状等を最適化することでラボスケール SEC-SAXS システムの構築が可能であると考えた。そこで、本発表においては実際に講演者のグループにより開発されたラボスケール SAXS による SEC-SAXS システムの性能を紹介する。更に、溶液中の分子量分布を非破壊で評価できる分析超遠心法 (AUC) とラボスケール SAXS を組み合わせた AUC-SAS 法による凝集物等の影響を除去し、目的の成分からの散乱のみを抽出する新規手法についても紹介する。