

構造生物学

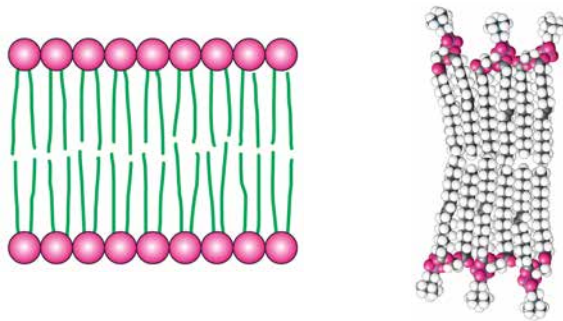
9. 膜蛋白質

1

概要

2

膜の構造



Stryer Fig 12.10-11

3

膜蛋白質の種類

構造による分類

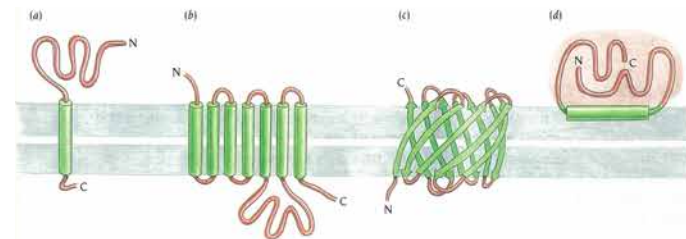


Fig. 12-1

4

膜蛋白質の種類

機能による分類

物質輸送

エネルギー変換

シグナル伝達

5

結晶化が困難

6

可溶化と結晶化

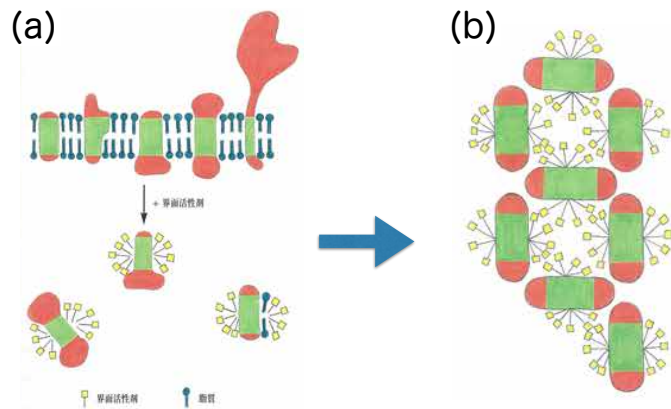
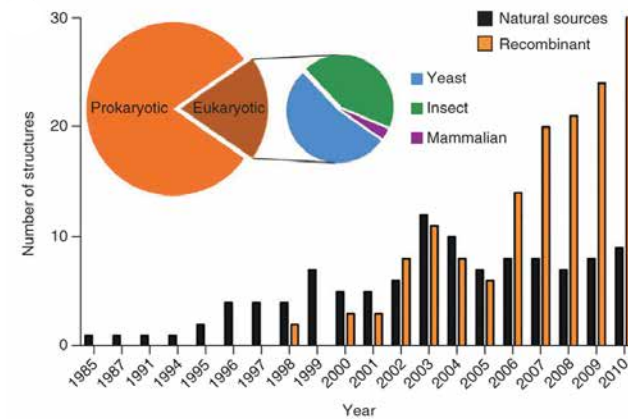


Fig. 12-2

7

構造解析数



Bill, RM et al., *Nature Biotech.* 29, 335–340 (2011)

8

膜蛋白質の構造の例

9

α ヘリックス型

10

バクテリオロドプシン

7回膜貫通型

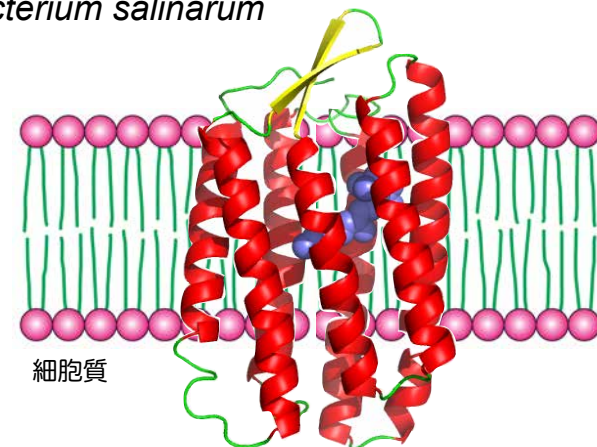


Fig. 12-3(b)

11

高度好塩性古細菌のバクテリオロドプシン

Halobacterium salinarum



@1qm8-1.txt

PDBID: 1QM8

12

疎水性・親水性残基の分布

```

A Q I T G R P E W I W L A L G T A L M G L G T L Y F L V K G M G V S D P A K K F Y A I T T L V P A
I A F T M Y L S M L L G Y G L T M V P F G G E Q N P I Y W A I Y A D W L F T T P L L L L L D L A L L V
R A D Q G T I L A L V G A D G I M I G T G L V G A L T K V Y S Y K F V W W A I S T A A M L Y I L Y V
L F F G F T S A A S M P E V A S T F V L R N V T V V L W S A Y V V W L I G S R G A G I V P L
N I E T L L F M V L D V S A L V G F G L I L L S A I F G E A A P E S A D G A A A T S
    
```

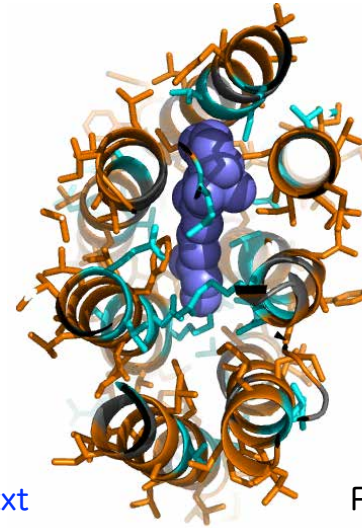
膜貫通ヘリックス

荷電性残基

Stryer Fig 12.19
(第6版)

13

疎水性・親水性残基の分布

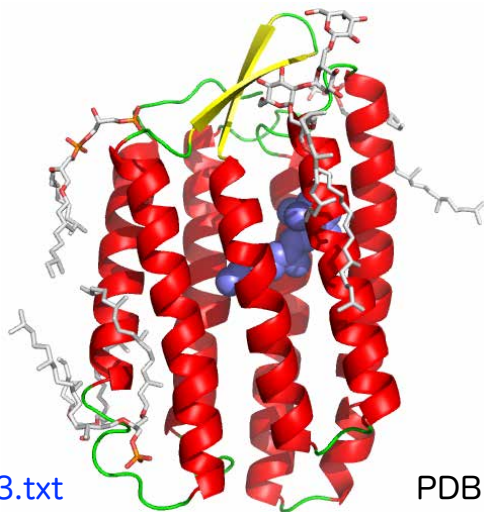


@1qm8-2.txt

PDBID: 1QM8

14

膜脂質が見えるものもある



@1qm8-3.txt

PDBID: 1QM8

15

バクテリオロドプシンのプロトンチャネル

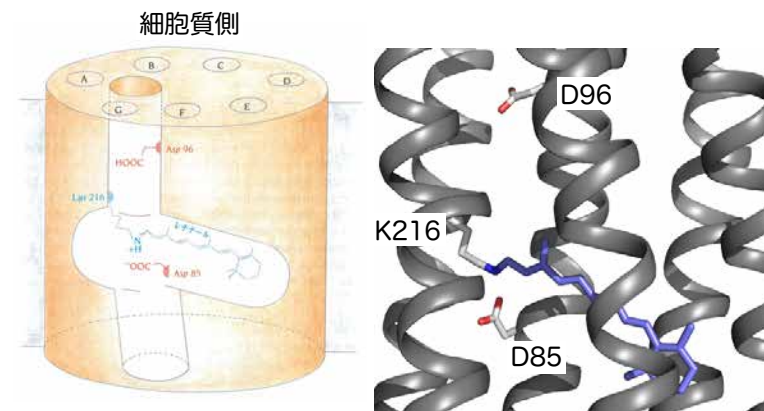


Fig. 12-5

@1qm8-4.txt

PDBID: 1QM8

16

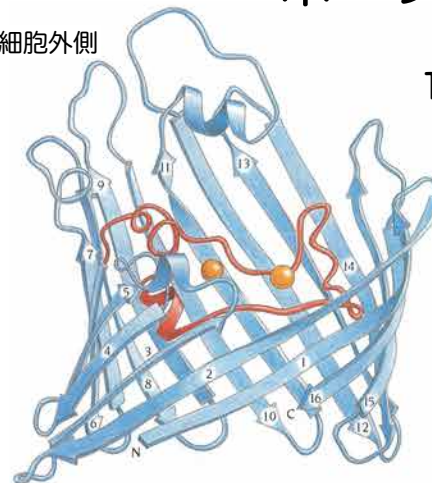
βシート型

17

ポーリン

細胞外側

16本のアップダウン
ベータバレル



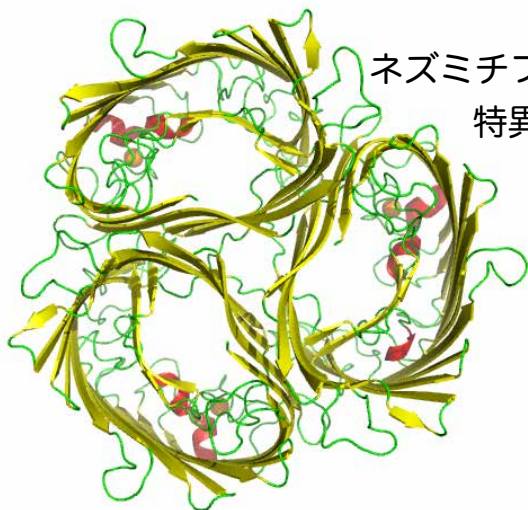
Rhodobacter capsulatus

Fig. 12-7

18

ポーリン

ネズミチフス菌のスクロース
特異的ポーリン

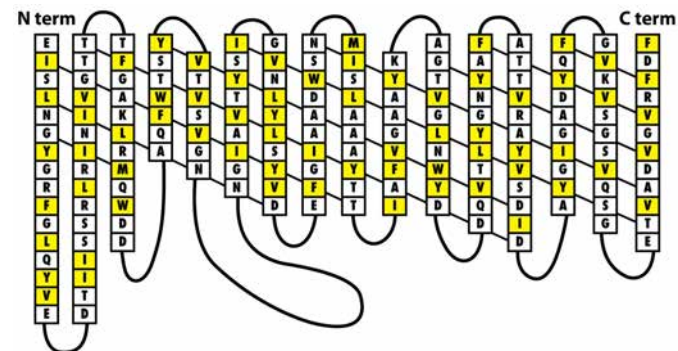


@1oh2-1.txt

PDBID: 1OH2

19

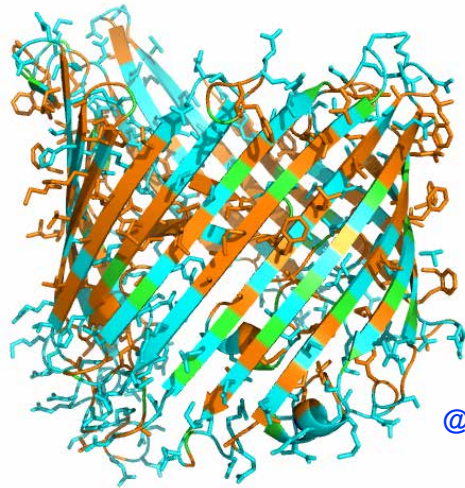
ポーリンの残基の分布



Stryer Fig 12.21
(第6版)

20

ポーリンの残基の分布

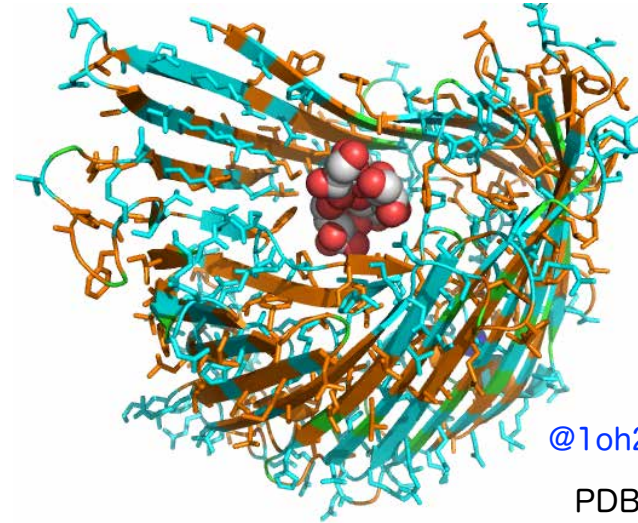


@1oh2-2.txt

PDBID: 1OH2

21

スクロースが結合している様子



@1oh2-3.txt

PDBID: 1OH2

22

イオンチャネル

膜蛋白質とその機能の例として

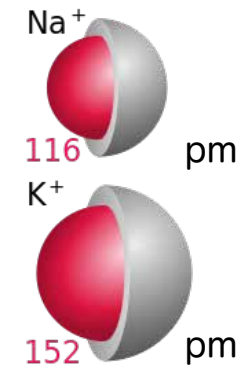
23

イオンチャネル

Stryer Table 13.1 (第5版)

TABLE 13.1 Relative permeabilities for selected

	Na ⁺ channel	K ⁺ channel
Li ⁺	0.93	< 0.01
Na ⁺	1.00	< 0.01
K ⁺	0.09	1.00
Rb ⁺	< 0.01	0.91
Cs ⁺	< 0.01	< 0.08
NH ₄ ⁺	0.16	0.13
H ₃ NOH ⁺	0.94	< 0.03
H ₂ NNH ₃ ⁺	0.59	< 0.03
H ₃ CNH ₃ ⁺	< 0.01	< 0.02
Cl ⁻	< 0.01	< 0.01



http://en.wikipedia.org/wiki/Ionic_radius

24

K⁺ イオンチャネル

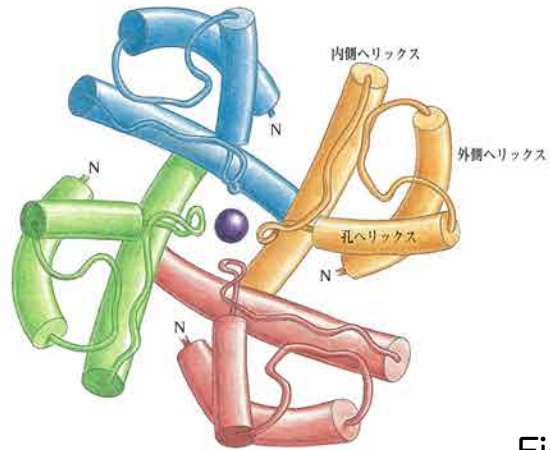


Fig. 12-9

25

K⁺イオンチャネルの実際



4量体

@1k4c-1.txt

PDBID: 1K4C

26

open - close



@1lnq-1.txt

PDBID: 1LNQ

@1k4c-2.txt PDBID: 1K4C

27

K⁺イオン選択フィルター

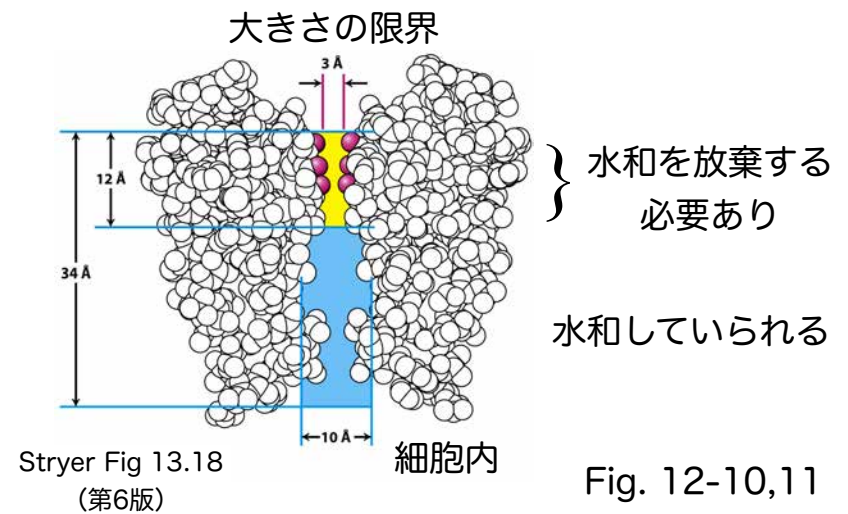
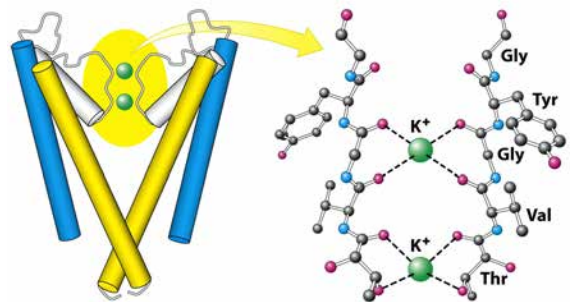


Fig. 12-10,11

28

K⁺イオン選択フィルター



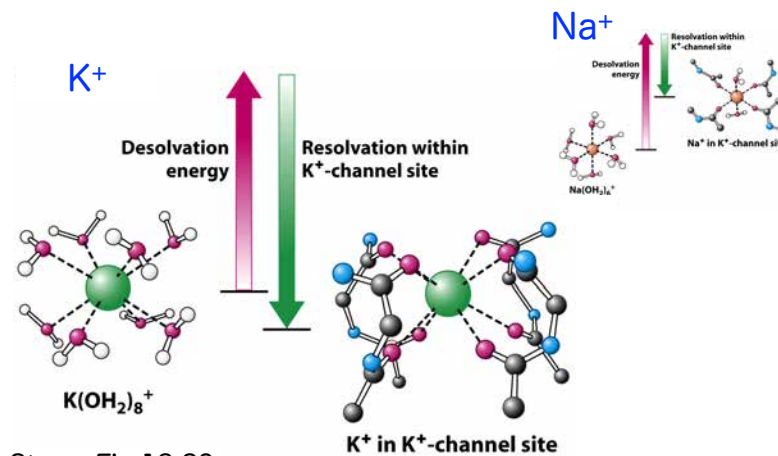
保存配列

- The - Val - Gly - Tyr - Gly -

Stryer Fig 13.18
(第6版)

29

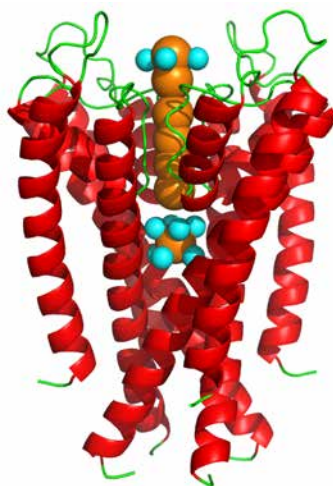
脱水和と配位のエネルギー収支



Stryer Fig 13.20
(第6版)

30

K⁺イオンフィルター部

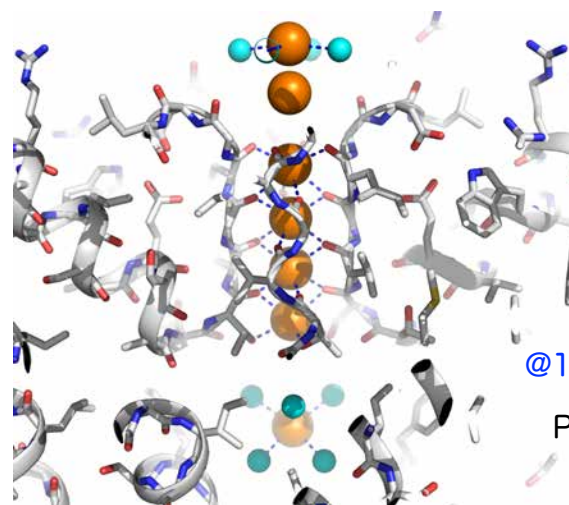


@1k4c-3.txt

PDBID: 1K4C

31

K⁺イオンフィルター部詳細

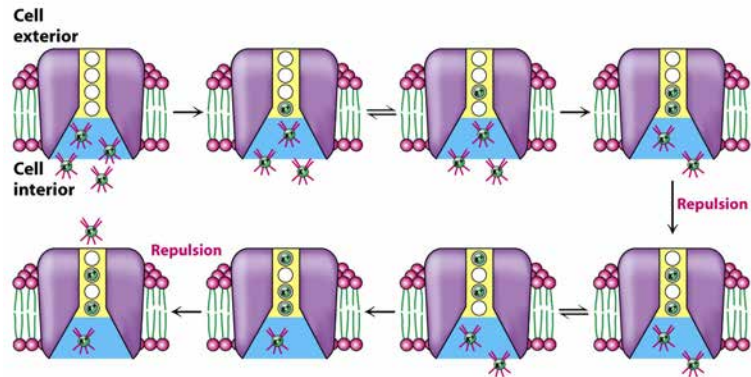


@1k4c-4.txt

PDBID: 1K4C

32

K⁺イオン輸送メカニズム



Stryer Fig 13.21
(第6版)

膜貫通αヘリックスの予測

疎水性尺度

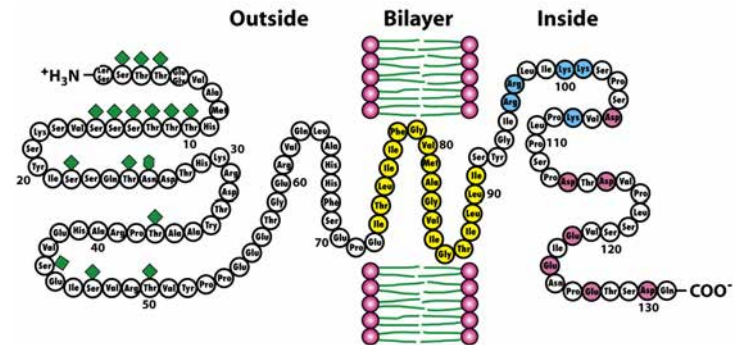
表12-1 疎水性尺度

アミノ酸	Phe	Met	Ile	Leu	Val	Cys	Trp	Ala	Thr	Gly	Ser	Pro	Tyr	His	Gln	Asp	Glu	Lys	Asp	Arg
A	2.8	1.9	4.5	3.8	4.2	2.5	-0.9	1.8	-0.7	-0.4	-0.8	-1.6	-1.3	-3.2	-3.5	-3.5	-3.5	-3.9	-3.5	-4.5
B	3.7	3.4	3.1	2.8	2.6	2.0	1.9	1.6	1.2	1.0	0.6	-0.2	-0.7	-3.0	-4.1	-4.8	-8.2	-8.8	-9.2	-12.3

A列: J. Kyte and R.F. Doolittle; B列: D.A. Engelman, T.A. Steitz, A. Goldmanの尺度。

表. 12-1

膜貫通ヘリックスの場合の模式図



Stryer Fig 12.27
(第6版)

疎水性尺度と構造

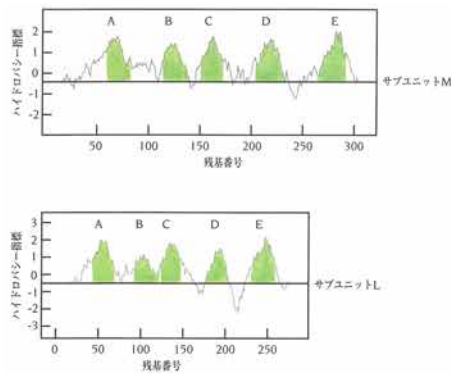


Fig. 12-23

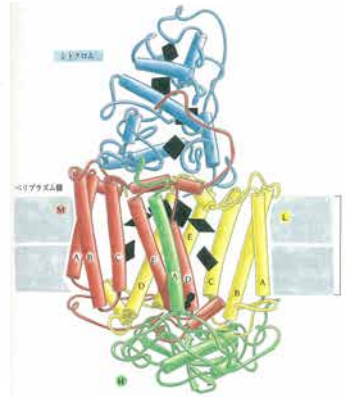


Fig. 12-14

37

課題

応用物理の旧三宅研で sosui という膜蛋白質の膜貫通領域を予測するツールが開発されている。

<http://bp.nuap.nagoya-u.ac.jp/sosui/>

それを用いて、以下の配列の蛋白質がどのようなものか推定してみよ。(SOSUI engine ver. 1.11)

```
DYKDDDDAMGQPVGAPPIMGSSVYITVELAIAVLAILGNVLVCWAVWLNLSLQVNTNYFVVSLLAAADIAVGLAIPFAIT
ISTGFCACHGCLFIACFVLVLTQSSIFSLLAIAIDRYIAIRIPLRYNGLVTGTRAKGIIAICWVLSFAIGLTPMLGWN
CGQPKEGKNHSQCGEGQVACL FEDVVPMMYMYFNFACVLVPLLLMLGVYLRIFLAARRQLRSTLQKEVHAAKSLAII
VGLFALCWLPLHIINCFTEFCPCSHAPLWMLYLAIVLSHTNSVVPFIYAYRIRERFRQTFRKIIRSHVLRQ
```

38