

シトクロム c モルテングロビュール状態に関する熱力学的研究

中村成芳, 城所俊一

(受取日:2007年5月8日,受理日:2007年5月19日)

Thermodynamic Study on the molten globule state of cytochrome c

Shigeyoshi Nakamura and Shun-ichi Kidokoro

(Received May 8, 2007; Accepted May 19, 2007)

Molten globule (MG) state, which is structurally distinct from both the native (N) and denatured (D) states, was originally proposed as an equilibrium intermediate state of denaturation of some proteins with a compact conformation, a considerable native-like secondary structure, and a largely fluctuating tertiary structure. Recently, our group has developed isothermal acid-titration calorimetry (IATC), a calorimetric method for evaluating the enthalpy change accompanying the pH-induced transition of protein using isothermal titration calorimeter. By this method, the pH-induced transition from N to MG state of cytochrome c was directly observed by calorimetry and was confirmed to be a two-state transition with small enthalpy change. Also, the MG state was detected in the thermal transition from N to D state by highly precise differential scanning calorimetry.

Keywords: folding intermediate; isothermal acid-titration calorimetry; pH transition; thermodynamic stability; cooperativity

1. はじめに

蛋白質分子はアミノ酸が数珠状につながったポリペプチ ド鎖であり,水中でこの鎖が,熱力学的に安定な立体構造 へと自発的に折れ畳むことで,その分子機能を発揮する。 この立体構造の安定性や折り畳み(フォールディング)過 程を理解し,予測・設計することは生命科学の最も重要な テーマの一つである。¹⁾

蛋白質立体構造の熱力学的な安定性を理解する上で, 様々な蛋白質で平衡論的なモルテングロビュール(MG) 状態が確認され,物理化学的な研究の対象となっている。 ^{2,3)}また,MG状態が多くの蛋白質のフォールディング過程 で速度論的な中間状態として観測されている。²⁾蛋白質の MG状態の共通の性質として,天然(N)状態と同程度の 2次構造を形成しており,コンパクトな球状をしているが, 側鎖の特異的なパッキングは緩く,揺らぎが大きい構造で あることが知られている。多くの蛋白質で,平衡論的に観 測されるMG状態が速度論的なMG状態と同一の構造的特 徴を示すことが報告されている。よってMG状態の熱力学 的安定性を正確に評価することは,蛋白質の立体構造安定 化機構や,フォールディング機構を理解する上で非常に重 要である。

しかしながらMG状態の熱力学的研究は、その測定が困 難であるためあまり進んでいない。例えば、最もMG状態 が研究されている代表的な蛋白質であるシトクロム*c*(ヘ ムを持つ104残基の小さな球状蛋白質)では、酸性pH, 高塩濃度条件での、MG状態からD状態への転移(MG~ D転移)は、示差走査熱量測定(DSC)や分光測定を用

© 2007 The Japan Society of Calorimetry and Thermal Analysis.

いて,比較的大きなエンタルピー変化(ΔH)を伴う協同 的な熱転移であることが示されている。⁴⁻⁰しかしN~MG 状態の転移については,ΔHが小さいことからDSCでは観 測が困難で,この転移についての協同性などの熱力学的機 構は不明であった。また,シトクロムcのMG状態は,酸 性pH,高塩濃度存在下や変性剤存在下などの特殊な条件で のみ安定な状態として観測されてきた。すなわち,フォー ルディングが実際に起こりうる(平衡論的にN状態が安定 に存在する)溶媒条件ではMG状態を安定な状態として検 出するのは困難とされていた。本解説では平衡論的にN状 態が安定に存在する溶媒条件のことを「ネイティブ条件」 とよぶことにするが,ネイティブ条件でのMG状態の立体 構造や熱力学的安定性を実測することは困難と考えられて いたのである。

我々は、最近、等温滴定型熱量計を用いて、蛋白質溶液 中に酸を滴下し、溶液のpHを下げることで蛋白質の構造 転移を誘導し、その際のエンタルピー変化を直接測定する、 「等温酸滴定熱量測定法(IATC)」を開発し、立体構造転 移に伴う熱容量変化の測定や構造転移の協同性の評価が可 能なことを示した。⁷⁾本解説では、この方法を簡単に紹介 するとともに、この方法を用いてシトクロムcのN~MG 転移を熱量計で直接測定することに成功したのを第2章で 紹介する。また、高精度DSCと多状態解析によって、こ れまでNとDの2状態転移と考えられていたシトクロムc の熱転移に、MG状態と考えられる安定な中間状態が存在 することを明らかにしたのを第3章で紹介する。これらの 知見により、ネイティブ条件でのMG状態の熱力学的安定 性について、その詳細が明らかになってきた。

2. 等温酸滴定熱量測定法(IATC)を用いた シトクロム *c* のN ~ MG 転移の観測

現在,蛋白質の熱力学的な安定性を評価する最も有力な 方法として,示差走査熱量測定法(DSC)が普及してい る。DSCでは,温度変化に伴う熱力学量変化を精密に決定 でき,特に熱転移に伴うエンタルピー変化を直接測定でき る。⁸⁾温度以外の原因による蛋白質の変性(変性剤変性, 酸変性)を評価する熱測定法も報告されているが,9.10)高 濃度の蛋白質が多量に必要などの問題点があり,汎用的に 用いられるまでには至っていなかった。近年,等温滴定型 熱量計(ITC)を用いて,酸変性したシトクロム*c*に塩を 滴定することでMG状態に構造転移させ,変性(D)状態 からMG状態の熱力学量を精密に評価できることが報告さ れ、⁵⁾ ITCが蛋白質安定性の評価にも非常に有効であること が示された。またITCを用いて蛋白質溶液に塩酸を滴定す ることで,アポミオグロビンのMG状態から酸変性状態へ の転移に伴う熱力学量を評価することが試みられた。¹¹⁾ こ



Fig.1 (A) Typical raw calorimetry data of acid-titration to bovine ribonuclease A in 20 mM NaCl solution. In this experiment, 200 mM HCl in 20 mM NaCl was titrated to the protein solution in the calorimeter cell at 40 °C. 0.5 µl of 200 mM HCl was added for the initial 14 injections, 2.5 ul was added for the next 25 injections, and 15 µl was added for the final 5 injections. The downward-pointing arrows indicate the time points at which the injection volume was changed. (B) A control titration of 200 mM HCl in 20 mM NaCl solution to 20 mM NaCl solution at 40 °C. The titration was performed with injection of 0.5, 2.5 and 15 µl each of an HCl titrant with a syringe of 250 µl. The upward-pointing arrows show the time points at which the injection volume was changed.7) (Reprinted with permission from Elsevier).

の研究では転移に伴うエンタルピー変化(ΔH)が非常に 小さいためかMG~D転移は明確には観測されていないが、 塩酸の希釈熱が小さいことが報告されており、ITCを用い ることで蛋白質の酸転移に伴う熱力学量を精密に評価でき る可能性を示している。

我々は溶液中に蛋白質以外の塩基を入れなければ,蛋白 質溶液に酸を滴下した際に生じる中和熱は非常に小さいた め,酸の混合による希釈熱を正確に補正できれば,ITCに より,pH変化に伴う蛋白質分子のエンタルピー変化が直接 測定可能であろうと考えた。そこで,塩酸を滴定すること で生じる熱をITCで測定し,同組成溶液のpHを別に測定 することで,酸の希釈熱を正確に補正し,蛋白質分子のエ ンタルピーをpHの関数として評価する手法を確立し,「等 温酸滴定熱量測定法(IATC)」と名付けた。⁷⁾

Fig.1 は蛋白質溶液(A) とブランク溶液(B) の酸滴



Fig.2 The enthalpy of bovine ribonuclease A was determined as a function of pH at 15℃ (filled squares), 40℃ (open circles) and 65℃ (open triangles). The solid lines were determined by least-squares fitting with an exponential function (15℃), a linear function (65℃), and a theoretical curve calculated by a two-state transition model (40℃), respectively.⁷ (Reprinted with permission from Elsevier).

定に伴うITC の生データを示す。ブランク溶液では酸の希 釈熱に由来する発熱ピークのみが観測されるのに対し、蛋 白質溶液では酸の希釈熱の他に蛋白質の構造転移に伴う吸 熱が観測される。これらのピークを積分し、希釈熱、中和 熱を補正することで蛋白質の酸転移に伴うエンタルピーを pHの関数として評価することができる。Fig.2は65℃ (A), 40℃ (B), 15℃ (C) でのウシ・リボヌクレアー ゼAのエンタルピーのpH依存性を示す。65℃では観測し た全pH範囲でリボヌクレアーゼAは変性(D)状態にあ り、15℃では観測した全pH範囲で天然(N)状態である ため、両者とも酸転移は観測されない。一方、40℃では pH 4からpH 2の範囲でN~D構造転移に伴うエンタルピ ー変化が観測できる。この報告では、40℃でのエンタルピ ーのpH依存性を2状態モデルを用いて最小2乗法で解析す ることにより、リボヌクレアーゼAの酸転移に伴う熱力学 量変化を評価している。ここで、N状態のエンタルピーの pH 依存性を指数関数, D 状態のエンタルピーのpH 依存性 を定数で近似した。解析の結果, 転移中点pH (pH 2.84) でのエンタルピー変化 (ΔH^{cal}) は312 kJ mol⁻¹, 水素イ オン結合数の変化(Δν)は2.5となった。これらの熱力学 量を用いて計算した理論曲線は実験データと非常に良く一 致している。また、これらの結果は、従来法であるDSC により評価したpH 2.7 でのリボヌクレアーゼAの熱転移に おける転移中点温度(40℃) でのΔH, 310 kJ mol-1と良



Fig.3 (a) The enthalpy function of bovine cytochrome c in pH-induced transition from N to D state at 30 ℃. The solid lines show the theoretical fitting curve calculated by two-state analysis and the base lines of N and D state. (b) The enthalpy function of bovine cytochrome c in pH-induced transition from N to MG state. The solid lines show the theoretical fitting curve calculated by global fitting two-state analysis and the base lines of N and D state.¹² (Reprinted with permission from Elsevier).

く一致した。また、円二色性(CD)測定により観測した リボヌクレアーゼAの構造転移も、この理論曲線でうまく 説明できることが確かめられた。更に、リボヌクレアーゼ Aの酸転移が観測できる複数の温度でIATC 測定をするこ とでファントホッフエンタルピー (ΔH^{vH}) を評価したと ころ、前述の ΔH^{cal} と誤差の範囲内で一致した。この結果 はリボヌクレアーゼAの酸転移が. 熱転移と同様に2状態 転移であることを示している。 また温度を変えてIATC 測 定することにより、 *∆H*の温度依存性すなわち熱容量変化 (ΔC_n) が評価できる。DSC 測定による ΔC_p の評価の際に は、通常 ΔH のpH依存性は無視されるが、IATCの場合に は、 ΔH のpH 依存性も実測値を用いて正しく評価し ΔC_p を 決定できる。本研究よりリボヌクレアーゼAの酸変性では、 ΔH のpH 依存性が ΔC_p へ与える影響は小さく,実験誤差と 同程度になることがわかった。このようにIATC は蛋白質 溶液のpH 変化に伴う転移の熱力学量を評価するのに非常に 有効な手法であることが示された。

IATCを用いることでウシ・シトクロムcのN状態からD 状態への酸転移と、これまで熱力学的機構が不明であった N状態からMG状態への酸転移を解析した。¹²⁾ Fig.3(a)は 30 ℃でのシトクロムcのN ~D 転移におけるエンタルピー のpH 依存性を示している。2 状態解析の結果、転移中点 pH (pH 2.47) での ΔH は154 kJ mol⁻¹, Δv は2.41 とな った。**Fig.3(b)**は20ででのシトクロムcのN~MG転移に おけるエンタルピーのpH依存性を示している。N~MG状 態転移をIATCにより複数温度で測定し2状態モデルでグ ローバル解析を行なった。中点pH(pH 3.47)での Δ Hは 20kJ mol⁻¹, Δv は2.1となった。2状態グローバル解析に より計算した理論曲線は実験データと非常によく一致して いる。2状態グローバル解析は Δ H^{eal}が一致すると いう前提に基づいているため,理論曲線が実験データの温 度依存性までをうまく記述できていることは、シトクロム cのN~MG転移は協同的な2状態転移であることを証明し ている。これによりMG状態は構造だけでなく熱力学的に もN状態と明確に区別できる状態であることが示された。

これらの研究によりIATCを用いることでDSCでは観測 することが困難な,転移に伴うエンタルピー変化が非常に 小さい構造転移についても,精密に評価できることが確か められた。水素イオンは多くの生体分子に共通のリガンド であるため,今後,等温酸滴定熱量測定法(IATC)は, 生体分子の熱力学的評価に幅広く応用できることが期待さ れる。

3. 低塩濃度でのシトクロム*c*の N~D 転移で検出されたMG 状態

従来,シトクロムcのMG状態は酸性pH,高塩濃度存 在下や変性剤存在下などの特殊な条件でのみ安定に観測さ れていた。前章で熱測定により観測に成功したN~MG転 移も,高い塩濃度条件下の測定であった。これは,この蛋 白質がリジンやアルギニンなどの正電荷を持つアミノ酸が 多く,酸性側では,分子全体として大きな正電荷を持ち, 分子鎖がコンパクトに折りたたまれたMG状態は不安定に なるが,陰イオン濃度が高ければ,これらが蛋白質に結合 することでMG状態を静電的に安定化することができるた めと考えられている。

従来のDSCの結果から、シトクロムcなどの比較的小さ な球状蛋白質の熱転移は、第一次近似としては協同的な2 状態転移で記述できることが示されていた。¹³⁾この際、 ΔH^{vH} は ΔH^{cal} よりわずかに小さいことが既に指摘されてお り、中間(I)状態がわずかに存在する可能性が示されて いた。しかしながら、このI状態の構造、熱力学的安定性 などの詳細についてはこれまでの所、明らかになっていな い。我々は、シトクロムcにおいて、熱転移におけるI状 態がネイティブ条件でのMG状態ではないかという仮説を 立て、最新の生体分子用DSC装置(MicroCal社VP-DSC) 等を用いてウマ由来シトクロムcの熱転移中間状態を解析 した。¹⁴⁾

Fig.4はDSCにより観測したpH 3.8~5.0のシトクロム *c*の熱転移である。その熱容量関数をダブルデコンボリュ





ーション法^{8,15})により解析することで、シトクロムcの熱転 移では転移中点温度付近でI状態が存在することが示された。 この結果を踏まえ、シトクロムcの熱転移を3状態転移モ デルを用いて最小2乗解析を行い、I状態を含めた熱転移の 熱力学量変化を評価した(Table 1)。Fig.4(a)の実線は3 状態解析により評価した熱力学量を用いて計算した熱転移 の理論曲線を示している。理論曲線は実験データを非常に よく説明している。Fig.4(b)はpH 4.1のシトクロムcの熱 転移における2状態解析、3状態解析により計算した理論 曲線と実験値の残差を示している。2状態解析では、3状 態解析に比べて残差が大きいのはもちろんだが、特に転移 中点温度以下の温度範囲で理論曲線と実験値が"系統的 に"ずれていることがわかる。

Fig.5 はpH 4.1 のシトクロム c の熱転移の3 状態解析により評価したモル分率を示している。転移中点温度付近でI 状態が40%程度存在することとなり、I 状態が従来の予想 よりかなり大きい割合で存在することが明らかになった。

Fig.6 はpH 4.1 のシトクロムcの熱転移におけるエンタ ルピー変化の温度依存性を示している。DSC の3 状態解析 とIATC により評価したN ~ D 転移に伴うエンタルピー変 化 (ΔH_{ND}) は、従来報告されていた値より100 kJ mol⁻¹ も大きい値を示している。我々の実験データを、前述のよ うな系統的な残差を無視して2 状態解析で評価した ΔH_{ND} は、 従来報告されていた値とほぼ一致することから、今回は、

Table 1 The thermodynamic parameters, such as the mid-point temperature, T_m , the enthalpy change, ΔH , and the heat capacity change, ΔC_p on the thermal transition of horse cytochrome c determined by DSC and IATC. The ΔH was evaluated at T_m .

a) These data were evaluated by IATC method. b) These values of the ΔC_p were determined by the threestate analysis of the heat capacity function. c) This value of the ΔC_p was the linear fitting of the temperature dependence of ΔH (see Fig.6). d) These values of the ΔH were determined by the two-state analysis.

pН	T _{m,NI} ∕℃	$\Delta H_{ m NI}$ / kJ mol $^{-1}$	$T_{ m m,ND}$ / °C	$\Delta H_{ m ND}$ / kJ mol ⁻¹	$\Delta C_{p,\mathrm{ND}^{\mathrm{b})}}$ / kJ K $^{-1}$ mol $^{-1}$	$\Delta C_{p,\mathrm{ND}^{\mathrm{c})}}$ / kJ K $^{-1}$ mol $^{-1}$	$\Delta H_{\rm ND}$ -2 ^{d)} / kJ mol ⁻¹
3.8	68 ± 2	141 ± 8	68.0 ± 0.3	$449\pm\!6$	5.7 ± 0.7		378 ± 2
4.1	69 ± 1	$141\pm\!6$	$70.2\pm\!0.3$	$468\pm\!6$	5.6 ± 0.7	$6.2\pm\!0.1$	$391\pm\!2$
4.5	$7.3\pm\!1$	155 ± 6	$74.1\pm\!0.2$	$498\pm\!6$	6.3 ± 0.7		$413\pm\!1$
5.0	73 ± 1	157 ± 3	$76.2\pm\!0.2$	$520\pm\!4$	5.8 ± 0.7		422 ± 1
2.9 ^{a)}			40 ^{a)}	$288\pm1^{a)}$			



Fig.5 The temperature dependence of the mole fraction of each state of cytochrome c at pH 4.1 determined by the three-state analysis with the nonlinear least squares method. The mole fractions of the native (thin solid line), the intermediate (thick solid line), and the denatured (dotted line) state were shown.¹⁴ (Reprinted with permission from Elsevier).

実験精度が高くなったことで、中間状態の存在を確認でき、 更に、N~D転移のエンタルピー変化も正しく評価できる ようになったものと考えられる。

DSC の3 状態解析とIATC により評価した ΔH_{ND} の温度 依存性からN~D転移に伴う熱容量変化($\Delta C_{p,ND}$)は6.2 kJ K⁻¹ mol⁻¹と推定された。この結果は従来報告されて いた $\Delta C_{p,ND}$ と一致している。¹⁶ N~I転移にともなう熱容 量変化($\Delta C_{p,NI}$)は0~3 kJ K⁻¹ mol⁻¹と推定された。

文献¹⁴⁾では,円二色性(CD)の温度変化測定によりpH 4.1のシトクロムcの熱転移を観測し,芳香族側鎖の規則構 造を反映する波長(289 nm, 416 nm)でのCDは2次構



Fig.6 The temperature dependence of the enthalpy change, ΔH , obtained by DSC and IATC methods. The filled squares show the enthalpy change from the N to the D state, $\Delta H_{\rm ND}$, determined by DSC with the three-state transition model. The open squares show that from the N to I state, $\Delta H_{\rm NI}$. The open circles show the $\Delta H_{\rm ND}$, determined with the two-state transition model. The filled triangles show the enthalpy change from the N to the D state, $\Delta H_{\rm ND}$, determined by IATC. The solid line represents the fitting line of $\Delta H_{\rm ND}$ from DSC and IATC in this study. The broken line shows $\Delta H_{\rm ND}$ by the two-state transition analysis reported previously.14,15) (Reprinted with permission from Elsevier).

造を反映する波長(222 nm) でのCDより低い温度で変 化することも示している。この結果はシトクロムcの熱転 移がN状態とD状態以外に安定な中間状態が存在すること を明確に示しており,熱測定の結果と一致している。また



Fig.7 The phase diagram of cytochrome *c* under low salt concentration. The symbols and broken lines show the borders between N and I state (open circles), I and D state (filled triangle), and N and D state (filled square).

I状態では2次構造はN状態と同程度形成しているが, 側鎖 の規則構造やヘムヘのメチオニン残基の配位はN状態とは 異なり, 3次構造は壊れていることが示唆された。¹⁴⁾また, 溶液X線散乱(SXS)測定よりI状態は球状でN状態と同 程度にコンパクトであることが示されている。これらの CD, SXSの結果から低塩濃度でのシトクロムcの熱転移で 観測されたI状態はMG状態であることが示された。これ は、シトクロムcのMG状態がネイティブ条件で安定に存 在することを示した初めての報告である。

Fig.7 は低塩濃度でのシトクロムcのpHと温度に対する 相図である。なお,相の境界線は境界の両側の状態のモル 分率が等しくなる条件を示している。pH 4より中性側で は、N状態とD状態の境界にI状態が安定に存在すること がわかる。我々が観測したネイティブ条件でのMG状態は, 弱酸性条件下で,まだ中和していないカルボン酸残基が分 子に残り,静電反発が弱いため低塩濃度でも安定に存在で き,pH 4より酸性側では,カルボン酸が中和することで 分子内の静電反発が強くなるため低塩濃度では安定に存在 できなくなると考えられる。本研究では熱測定に使用する サンプルの可逆性を良くするために弱酸性(pH 3.8~ 5.0)で実験を行っているが,相図からは中性pHではMG 状態はより安定に存在することが予測される。

N~I転移に伴う熱容量変化 $\Delta C_{p,NI}$ が0~3 kJ K⁻¹ mol⁻¹ であることから、N 状態で分子内部に埋まっている疎水領 域の50%以上が低塩濃度でのMG 状態でも保持されおり、 ネイティブ条件でのMG 状態が疎水相互作用で安定化され ていることが強く示唆された。



Fig.8 The temperature dependence of the Gibbs freeenergy change, ΔG . The filled squares show $\Delta G_{\rm ND(0)}$ and the open squares show $\Delta G_{\rm NI(0)}$, calculated with $\Delta C_{p,\rm NI}$ fixed at 0 kJ K⁻¹ mol⁻¹. The solid lines show $\Delta G_{\rm ND(3)}$ and the broken lines show $\Delta G_{\rm NI(3)}$, calculated with $\Delta C_{p,\rm NI}$ fixed at 3 kJ K⁻¹ mol^{-1,14} (Reprinted with permission from Elsevier).

Fig.8はpH 4.1, 低塩濃度でのシトクロムcのN~I間, N~D間のギブス自由エネルギー変化(ΔG_{NI} , ΔG_{ND})の 温度依存性を示している。15 ℃での ΔG_{NI} と ΔG_{ND} は9~22 kJ mol⁻¹と41~45 kJ mol⁻¹と評価された。これはN状 態が安定に存在する条件でI状態(MG状態)はD状態よ りも自由エネルギー的に安定であることを示している。こ の結果はネイティブ条件で平衡論的に観測されたMG状態 が、フォールディング過程で自発的に形成されることとう まく符合している。すなわち、シトクロムcの水中でのフ ォールディング過程ではD状態から、まずギブス自由エネ ルギーが20~30 kJ mol⁻¹低いMG状態に変化し、その後、 10~20 kJ mol⁻¹ギブス自由エネルギーを下げながらN状 態に到達する(立体構造が形成される)と考えられる。

4. おわりに

本解説ではITCを用いた蛋白質の酸転移に伴う熱力学量 を評価する手法である等温酸滴定熱量測定法(IATC)に ついて紹介し、その有用性を示すと共に、IATCや高精度 DSCといった最新の熱測定法を用いることで、シトクロム *c*のN~MG転移の熱力学的機構やネイティブ条件でのMG 状態の熱力学的安定性といった新しい重要な知見が明らか になったことを紹介した。これらの成果は、蛋白質の熱力 学的安定性や構造形成過程の研究において、熱測定が非常 に有力な手法であることを改めて示していると言える。

文 献

- 1) 曽田邦嗣, 熱測定 32, 42-50 (2005).
- M. Arai and K. Kuwajima, Adv. Protein Chem. 53, 209 (2000).
- 3) M. Ohgushi and A. Wada, FEBS Lett. 164, 21 (1983).
- S. Potekhin and W. Pfeil, *Biophys. Chem.* 34, 55 (1989).
- D. Hamada, S. Kidokoro, H. Fukada, K. Takahashi, and Y. Goto, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **91**, 10325 (1994).
- Y. Kuroda, S. Kidokoro, and A. Wada, J. Mol. Biol. 223, 1139 (1992).
- S. Nakamura and S. Kidokoro, *Biophys. Chem.* 109, 229 (2004).
- S. Kidokoro and A. Wada, *Biopolymers* 26, 213 (1987).
- 9) W. Pfeil and P. L. Privalov, *Biophys. Chem.* 4, 23 (1976).
- 10) W. Pfeil and P. L. Privalov, *Biophys. Chem.* **4**, 33 (1976).
- 11) M. Jamin, M. Antalik, S. N. Loh, D. W. Bolen, and R. L. Baldwin, *Protein. Sci.* 9, 1340 (2000).
- 12) S. Nakamura and S. Kidokoro, *Biophys. Chem.* 113, 161 (2005).
- P. L. Privalov and N. N. Khechinashvili, J. Mol. Biol. 86, 665 (1974).
- 14) S. Nakamura, T. Baba, and S. Kidokoro, *Biophys. Chem.* 127, 103 (2007).
- 15) S. Kidokoro, H. Uedaira, and A. Wada, *Biopolymers* 27, 221 (1988).
- L. Fu and E. Freire, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89, 9335 (1992).

要 旨

天然(N)状態,変性(D)状態と構造的に区別される 状態であるモルテングロビュール(MG)状態はいくつか の蛋白質の変性の平衡論的な中間状態として発見された。 MG状態は,N状態と同程度の2次構造を持ったコンパク トな球状であるが3次構造は大きく揺らいでいる。最近, 我々は等温滴定熱量計を用いて,蛋白質のpH転移に伴う エンタルピー変化を評価する手法として等温酸滴定熱量測 定法(IATC)を開発した。本法を用いて,シトクロム*c* のN状態からMG状態へのpH転移を直接熱量計で観測し, N状態からMG状態への転移は小さいエンタルピー変化を 伴う2状態転移であることを確認した。またシトクロム*c* のN状態からD状態への熱転移を高精度DSCで解析するこ とで,転移の際にMG状態が観測されることを示した。



中村成芳 Shigeyoshi Nakamura 長岡技術科学大学生物系, Dept. of Bioengineering, Nagaoka Univ. of Technology, TEL.&FAX 0258-47-9425, e-mail: shige@stn.nagaokaut.ac.jp 研究テーマ:蛋白質の構造,物性 趣味:ドライブ,読書,競馬,散歩



域所俊一 Shun-ichi Kidokoro 長岡技術科学大学生物系, Dept. of Bioengineering, Nagaoka Univ. of Technology, TEL.&FAX 0258-47-9425, e-mail: kidokoro@nagaokaut.ac.jp 研究テーマ:蛋白質物性 趣味:古典音楽