

Title	マスマスペクトロメトリーによる生体高分子の構造解析
Author(s)	松尾, 武清
Citation	大阪大学低温センターだより. 56 P.8-P.11
Issue Date	1986-10
Text Version	publisher
URL	http://hdl.handle.net/11094/8597
DOI	
rights	
Note	

Osaka University Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/repo/ouka/all/>

マススペクトロメトリーによる 生体高分子の構造解析

教養部 松尾 武清 (内線 5251)

1. はじめに

質量分析法は誕生以来80年以上の長い歴史を有する分析手段である。一番最初の研究目的は同位体存在の実験的検証であり、トムソンのパラボラ型質量分析器によりネオン20と22の同位体が分離されたことは有名である。その後原子質量の精密測定が主要な研究課題となり、大型装置を製作し測定作業が行われた。大阪大学でも緒方、松田らにより積極的に測定された。それらの結果は原子核実験で得られる“Q値”と組合せて原子質量表(Mass Table)として完成された。

一方1940年代から石油成分の分析への応用を中心に有機化合物の分析が開始され、1960年代になってガスクロマトグラフィーと直結して混合物試料の分離と分析を同時に行う手法が開発された結果、GC/MS法は気体になる化合物の分析手段としての地位を確立した。1980年代になって難揮発性で熱不安定な高分子量化合物のイオン化を可能ならしめるイオン源が開発され、かつ、質量数の大きなイオンでも高感度で分離検出できる質量分析装置も開発された結果、質量数の大きな生体高分子の構造解析が可能となった。本稿では蛋白質及び核酸の分析例について説明する。

2. 蛋白質構造解析への応用

金属チップに1~2 μl のグリセロールをぬり、測定しようとするペプチドを溶かし込む。その金属チップを真空にしたイオン源に入れた後、約10 kVに加速したXeイオンで照射すると、試料ペプチドの分子イオンが生成される。このイオンを加速して質量分離するのである。この原理に基づくイオン源をFAB、あるいはSIMSイオン源と呼び、現在のところ生体高分子のイオン化に最も適したイオン源として広く利用されている。勿論分子イオン以外にもXeイオンの照射により解裂して生じたフラグメントイオンもたくさん生成され検出されるが、それに惑わされず分子イオンに注目して解析を進める。ブラジキニン(Arg-Pro-Pro-Gly-Phe-Ser-Pro-Phe-Arg M.W. 1059)のマススペクトルを一例として、図1に示す。このスペクトルからも予想されるように、天然物から抽出したり、合成したりした試料の分子量を正確に決定することができる。生体高分子の正確な分子量を決めることがマススペクトロメトリーの一番重要な働きであり、これを基礎にマススペクトロメトリーの応用が可能となるのである。

- (5) ペプチド混合物のマススペクトルをとり、同一条件下でとった正常試料のマススペクトルとを比較検討することにより、置換アミノ酸ペアを決めることができる。
- (6) 酵素の種類をかえて(4)、(5)の操作をする事により double check することができる。

具体的にアミノ酸置換をマススペクトルで検出している例として鎌形赤血球貧血症の場合を図2に示す。質量数952のT1ピークが消失して、質量数932に新しいピークが出現しており、その質量差20 = 952 - 932はグルタミン酸(Glu)とバリン(Val)の質量差(=129 - 99)に相当している。このように置換アミノ酸の分析を質量数というDigit量により性格づける手法を“Digit Printing法”と名付けた。臨床医学の分野で診断に利用されている。特に異常ヘモグロビン及びプレアルブミンの検出に威力を示している。

具体例の一つとして、異常ヘモグロビンA鎖(Hb-F^{Izumi})の場合のマススペクトルを図3に示す。スペクトルAは正常サンプルでありスペクトルBは異常サンプルである。

T₁₊₂ ピーク(M/z=1919)が新しいピーク(M/z=1847)へシフトしている事がわかる。これはグルタミン酸(Glu)からグリシン(Gly)の置換を示唆している。別種の酵素で処理したサンプルの測定結果とつき合せてHb-F^{Izumi}は6番目のアミノ酸GluがGlyに置換した構造変異種であると決定できた。“Digit Printing法”を使って約10種の未知の構造変異蛋白質を解析することができた。

4. 核酸の塩基配列決定への応用

DNA, RNAの合成技術が急速に進歩している。特に合成した核酸を他種のものにうめ込んで新しい蛋白質をつくり出す方法も完成しつつある(遺伝子組換)。この際合成した核酸が目的とするものと一致しているのかどうか迅速に調べる必要があるが、このためにはマススペクトルの手法が適している。特に合成時には保護基で修飾された状態での中間

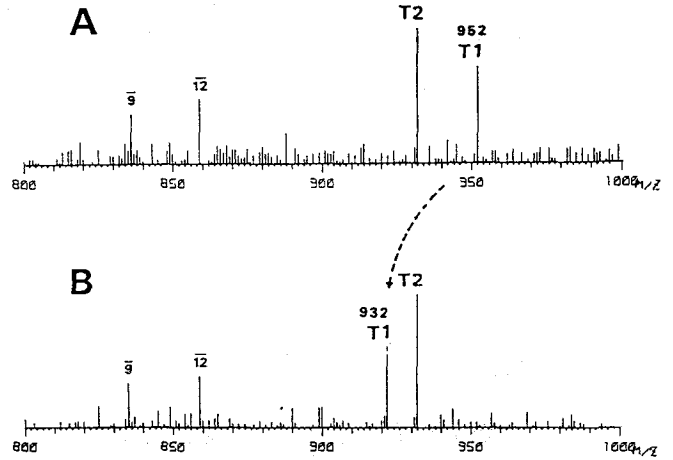


図2. 異常ヘモグロビンHb-Sのトリプシン、消化物中のT1フラグメントのマスシフト。(A)正常、(B)異常。

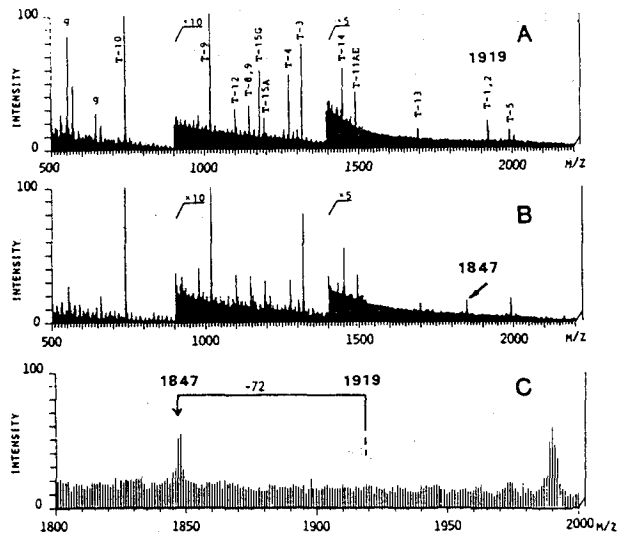


図3. 正常αグロビン(A)と異常αグロビン(B)のトリプシン消化物のマススペクトル。スペクトル(C)は(B)の質量域(M/z 1800-2000)を拡大したもの。

生成物の分析はマスペクトル法だけが可能である。E・Coli RNA₂^{Gly}の10mer フラグメント (GAUGAUGCGG) のマスペクトルを図4に示す。

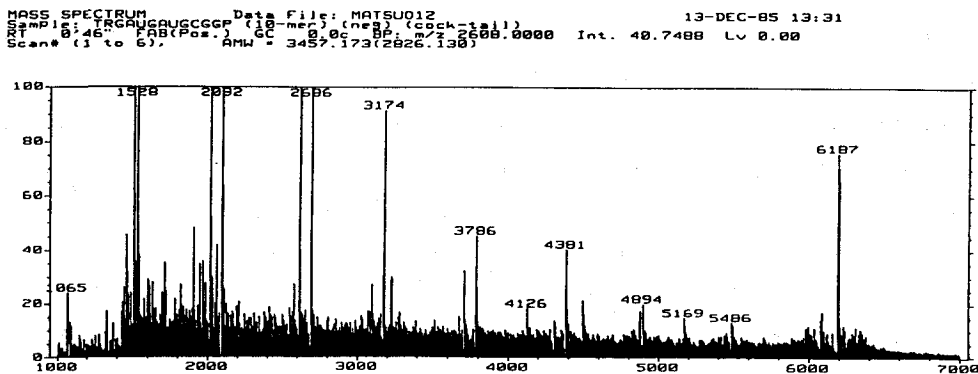
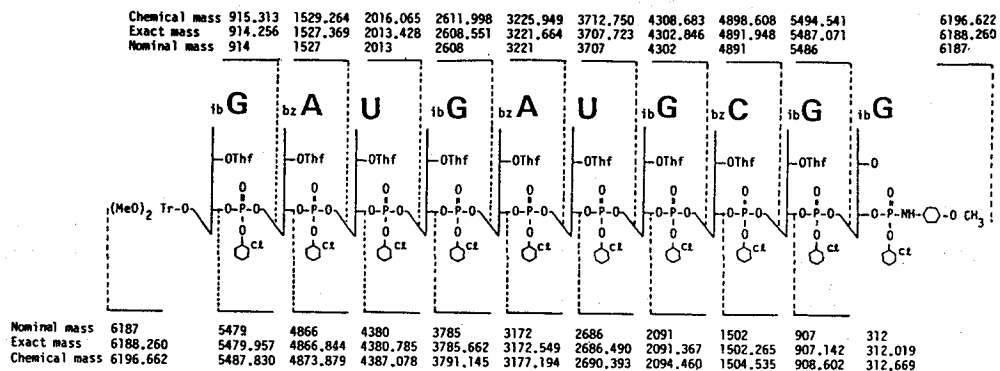


図4. 保護基のついた状態の合成リボ核酸(10mer RNA)の負イオンマスペクトル

5. おわりに

マスペクトロメトリーの生体高分子の構造解析への応用例について簡単に紹介してきた。ここ10年間のうちに高分子量化合物のマスペクトロメトリーは急速に進展した。さらに新たな要求(より高質量化、より高感度化)も出されている。このためには新しい高性能イオン源の開発と大型高性能質量分析装置の製作が必要であると考えられる。私達は加速電圧30 kVのイオン源と大型電磁石(中心軌道半径1.25m, 最大磁場強度 1.8 Tesla)を用いた大型質量分析装置を製作中である。分子量が2万程度までの生体高分子の分析を行うことを目的としている。

構造変異蛋白質の解析法(Digit Printing法)の研究は大阪府立母子医療センターの和田芳直先生、林昭先生との共同研究の成果であります。ここに深謝いたします。