

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 3 年 6 月 21 日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2017～2020

課題番号：17K07816

研究課題名(和文) X線・中性子小角散乱による植物性食品タンパク質構造解析の新展開

研究課題名(英文) New insight into structural analysis on plant food proteins by small-angle X-ray and neutron scattering

研究代表者

佐藤 信浩 (Sato, Nobuhiro)

京都大学・複合原子力科学研究所・助教

研究者番号：10303918

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,700,000円

研究成果の概要(和文)：X線小角散乱および中性子小角散乱を用いて、植物性食品タンパク質のナノスケールにおける凝集構造の解析を行った。小麦タンパク質グリアジンの凝集体は、塩化ナトリウムの添加が大きさの異なる階層的な疎密構造を誘起することを明らかにした。また、グリアジンの脱アミド改質によって凝集体構造に及ぼす塩化ナトリウムの作用が大きく異なることを解明した。さらに塩化ナトリウム以外の塩の添加によって、ナノ構造には大きな差が見られないにもかかわらず凝集体の物性が大きく変化することを見出した。大豆タンパク質については、緩衝溶液の存在やイオン強度の増大によって熱変性の温度が上昇し、熱安定性の向上につながることが明らかとなった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

凝集状態の食品タンパク質についてこれまで未解明だった、内部構造、すなわち構成タンパク質の存在状態や凝集体内での構造の揺らぎ、他の構成成分との相関構造についてSAXSやSANSを用いて解析する一方、物性や構造の変化をもたらす種々の条件(脱アミド化や異なる種類の添加塩、イオン強度等)を明らかにすることによって、高品質の食品や高機能の食品素材を製造するための知見を提供するとともに、ナノメートルからマイクロメートルの領域における食品タンパク質の階層構造を統一的に理解し、食品構造化学の新しい展開をもたらすことができた。

研究成果の概要(英文)：Nanostructure of plant food protein assemblies were investigated by small-angle X-ray and neutron scattering. For wheat protein gliadin hydrates, it was found that the addition of sodium chloride induces hierarchical inhomogeneous structure with different sizes. It was also found that the deamidation of gliadin greatly influences the effect of sodium chloride on the aggregate structure. Furthermore, it was demonstrated that the addition of salts other than sodium chloride significantly changes the physical properties of the gliadin aggregates, even though there was no significant difference in the nanostructure revealed by SAXS. For soybean protein, it was found that the presence of buffer solutions and increase in ionic strength raise the temperature at which thermal denaturation occurs, leading to improved thermal stability of associated structure of soy proteins.

研究分野：食品構造学、ナノ生体構造学

キーワード：X線小角散乱 中性子小角散乱 食品構造 食品物性 小麦タンパク質 大豆タンパク質

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

小麦や大豆は種子にタンパク質を多く含む植物として知られており、それらを加工して麩や豆腐などのタンパク質を多く含んだ食品が古くより生産・消費されてきた。近年は、これらのタンパク質を抽出し、粉末などの形状で他の食品に添加するための素材として利用されるケースも多い。これらのタンパク質は、アミノ酸の供給源として栄養学的な観点から利用されるばかりでなく、加工食品の食感の向上や結着性や粘弾性、保水性などの物性改善効果の目的においても利用されている。このような食品物性はタンパク質の高次構造や集合状態と密接に関連している。たとえば、小麦粉食品の特徴的な物性である伸長性や抗張力、粘弾性などは、モノマーが分子間ジスルフィド結合によってネットワーク状に連なったグルテニンの弾性とモノマーのタンパク質が非共有結合的な分子間相互作用で凝集したグリアジンの粘性のバランスによって実現している。食品は水分を多く含んだ状態で食品として供されるため、水中で凝集したタンパク質のナノ構造を解明することが、食品物性の向上や新たな機能性を持ったタンパク質含有食品の開発には不可欠である。また、食品はしばしば変性したタンパク質がゲルとなった状態で利用される。変性やゲル化は、温度や pH、濃度などのパラメーターに影響を受け、得られたゲルの物性変化を通じて食品の品質や加工性に影響を及ぼすことから、外的条件の変化に伴う食品ゲルの構造変化を詳細に解析することは、食品の品質向上や食品加工技術の新たな展開を目指す上で重要である。

食品中のタンパク質のような不透明な固体や濃厚な凝集体のナノ構造を解析する上で、X 線小角散乱法 (SAXS) や中性子小角散乱法 (SANS) はきわめて有効な手法である。本研究に先行する研究[1]では、新たに見出だされた純水中への抽出法により得られた小麦タンパク質グリアジンについて、0.025–70 wt% という広範囲の濃度領域にわたって水溶液および水和凝集体の SAXS による構造解析を行い、希薄水溶液中ではほぼモノマー状態で存在するグリアジンが濃度増加とともにドメイン間干渉を持つ凝集体を形成しながら不溶化し、さらなる濃度増加によって凝集体の成長と内部密度ゆらぎの出現・消失の過程を経ることを明らかにした。これにより、透明で流動性の高い希薄溶液から不透明で固体状態に近い水和凝集体まで、一貫した原理に基づく構造解析を行うことのできる SAXS の優位性を実証した。一方、食品のような多成分混合系においては、複合体中において個々の分子が形成する構造や成分間の相互作用が全体の物性に影響を及ぼすにもかかわらず、それらに関する詳細な検討がこれまで行われていなかった。

2. 研究の目的

本研究は、先行研究を発展させ、より多種の植物性食品タンパク質について、多様な条件下におけるタンパク質凝集体の小角散乱法による構造解析を行い、ナノスケールの食品構造の解析手法としての小角散乱法の有効性を実証した。小麦タンパク質グリアジンおよびグルテニンについて、食塩濃度、温度等が異なる条件下での各々のナノ構造の相違と、物性との関連を解明する一方、大豆タンパク質であるグリシニンおよび β -コングリシニンについても、同様に種々の条件下における各々のナノ構造の相違を明らかにした。また、実際の食品中に存在するような複合体における一方のみの成分の構造を明らかにするために、コントラスト変調 SANS による構造解析を試みた。

3. 研究の方法

【試料】小麦タンパク質は Ukai らの手法[2]により得た。小麦粉 (日清製粉 SuperKing) に 0.5 M NaCl 水溶液を加えて混捏した後、この生地を蒸留水中で揉み洗い、回収した洗液に NaCl を添加して得られた沈殿物を、純水中で透析することによってグリアジンを得た。また、グリアジンを抽出した残存物からグルテニンを得た。脱アミド化したグリアジンは、グリアジンを脱アミド酵素プロテイングルタミナーゼで 50 °C で 24 時間反応させることによって得た。脱離したアンモニウム量を定量することで算出した脱アミド化率は 13% であった。大豆タンパク質グリシニン (11S) および β -コングリシニン (7S) は以下のように調製した。乾燥大豆 (エンレイ) 粉末を 40 °C でヘキサノール脱脂し、膜タンパク質除去のために 70 °C で 30 分間加熱処理した後、水に分散させ可溶性のタンパク質を抽出した。抽出液を pH 5.8 に調節して 11S を沈殿させ回収した。この上清をさらに pH 4.5 に調節し 7S を分離回収した。

【SAXS】SAXS 測定は、高エネルギー加速器研究機構 Photon Factory の SAXS ビームライン BL-10C (波長 1.49 Å、カメラ長 2 m)、SPring-8 のビームライン BL19B2 の極小角 X 線散乱装置 (USAXS; 波長 0.689 Å、カメラ長 42 m)、および京都大学複合原子力科学研究所に設置された実験室系 SAXS 装置 (リガク NANOPIX; 波長 1.54 Å、カメラ長 1.3 m) を用いて行った。測定試料はポリイミドまたはポリエーテルイミドフィルムを窓材とする光路長 1 mm のアルミニウム製測定セルに入れ、測定された 2 次元散乱パターンについて円環平均による 1 次元化処理を行って得られた散乱プロファイルをもとに解析を行った。

【SANS】SANS 測定は、豪州原子力科学技術機構 Quokka ビームライン (波長 5 Å、カメラ長 20

m, 12 m, 1.3 m) および仏ラウエ・ランジュバン研究所の D22 ビームライン (波長 6 Å、カメラ長 2.8 m) を用いて行った。試料は厚さ 1 mm または 0.5 mm の石英製サンドイッチセルに入れて測定を行った。

【力学測定】グリアジン水和凝集体の圧縮弾性率測定は、小型卓上試験機 (島津製作所、EZ-SX) を利用して行った。

4. 研究成果

(1) グリアジン水和凝集体の階層構造形成

グリアジン濃度 50% の水和凝集体について、種々の濃度の NaCl を加えたときの散乱プロファイルの変化を図 1 に示す。散乱ベクトル $q < 0.1 \text{ nm}^{-1}$ においては、 $I \sim q^{-4}$ の Porod 則に従う鋭い立ち上がりが見られることから、明瞭な界面を持つ大きな凝集構造が形成されることがわかる。一方 $q = 0.5\text{--}1.0 \text{ nm}^{-1}$ の領域にはブロードなピークが観察され、グリアジン凝集体中に密度揺らぎ (疎密構造) が形成されることを示している。このピークは、NaCl 濃度の増加とともに次第に小さくなっており、NaCl の添加によって疎密構造の割合が減少し、より凝縮した構造へと変化していくことを表している。一方、低角側を観察すると、NaCl 濃度が 0 においては、散乱曲線はほぼ直線的な立ち上りを示すが、NaCl の添加によって 0.02 nm^{-1} 付近にブロードなピークが出現し、濃度の増加とともにピークが高角側へシフトしつつ、最終的には消失していく様子がわかる。このことは、NaCl の添加によって、高角領域に観察される小さな疎密構造とは別に、さらに大きい相関距離を持った疎密構造が新たに誘起され、NaCl 濃度の増加によって相関距離が次第に小さくなるとともに消失していくことを示している。このように、NaCl の添加によって、相関距離の異なる階層的な疎密構造が誘起されること、ならびに、NaCl の添加がグリアジン分子間の相互作用を強化し、より緻密な凝集体を形成する作用、すなわち凝縮効果があることが明らかとなった。

一方、同じ q 範囲において異なる温度で SANS 測定を行ったところ、高角側のピークは温度の影響が小さいのに対し、低角側のピークは昇温とともに消失し直線的な立ち上がりへと戻ることがわかった。このことから、小さい相関距離の疎密構造と大きい相関距離の疎密構造とは、その形成の原因となる相互作用が異なる可能性が示唆された。

この成果は、無秩序だと考えられていたタンパク質凝集体の内部に、NaCl の添加によって階層構造が形成されることを解明したものであり、食塩を添加して小麦粉生地 の物性を改善する過程において、どのような凝集構造の変化が物性の変化をもたらすかを繙く一端になるものである。

(2) 脱アミド化によるグリアジン凝集構造の変化

グリアジンはグルタミン残基を豊富に含んでいることから、グリアジンの凝集にはグルタミン間の相互作用の寄与が大きいと想定される。そこで、脱アミド化反応により、グルタミンをグルタミン酸に変換した際の凝集構造の変化を SAXS で調べた。図 2 にその結果を示す。図 2a に見られるように、NaCl を添加していない場合は、脱アミド化しても、わずかにピーク強度が大きくなる程度で大きな差異は認められない。一方、図 2b に示すように、NaCl を添加した場合は脱アミド化処理の前後で散乱曲線が大きく異なり、処理前には NaCl の添加によって消失していた 0.5 nm^{-1} 付近のピークが、脱アミド化した場合は、NaCl 未添加

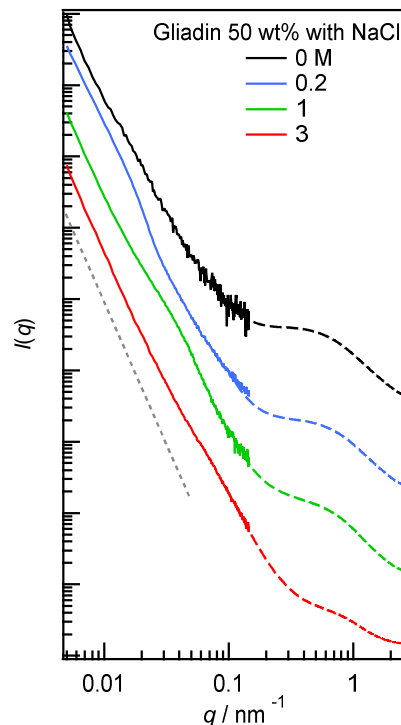


図 1 種々の NaCl 濃度におけるグリアジン水和凝集体の SAXS 曲線。比較のため各散乱曲線を縦方向にシフトしている。異なる施設で測定した同一試料の測定結果 (実線 Spring-8, 破線 Photon Factory) を連結表示している。点線は $I \sim q^{-4}$ の Porod 則に従う直線。

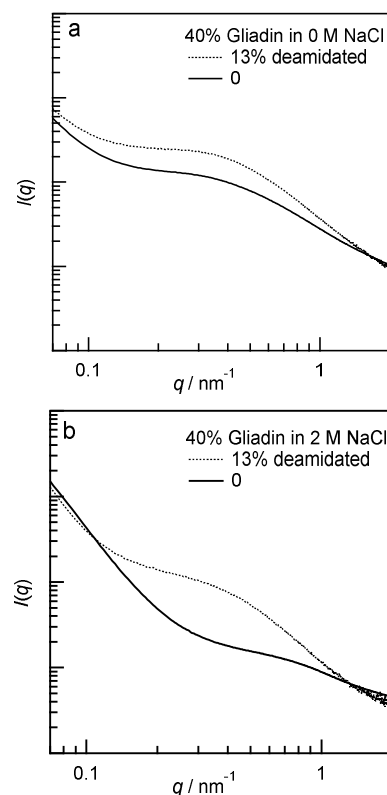


図 2 脱アミド化した 40%グリアジン水和凝集体の SAXS 曲線。(a) NaCl 0 M, (b) NaCl 2 M。

の場合とほぼ同じプロファイルに戻ることがわかった。このことは、脱アミド化することによって、NaClの凝縮効果が低減されることを示している。その理由の1つとして、グルタミンからグルタミン酸への変化によって電荷が増加したことが考えられる。未処理のグリアジンにおいては、NaClの添加により増加したイオンによってグリアジンの水和水が奪われるが、処理後はグリアジン自身の電荷が増えることによって水和水が奪われにくくなるため、NaClによる凝縮効果が抑制されるものと考えられる。

この成果は、食塩添加によって小麦粉生地の改質を行う際に、分子論的に見てどのような相互作用が寄与しているのかを明らかにするための一助となるものである。

(3) 種々の塩を添加した場合のグリアジンの物性および凝集構造の変化

図3にNaCl、KCl、NaIをそれぞれ添加した際の40%グリアジン水和凝集体の圧縮弾性率およびSAXS曲線を示した。図3aからわかるように、加える塩の種類によって凝集体の固さが異なる。NaClを加えると塩を添加しない場合と比べて圧縮により抵抗力を示す固い凝集体が形成されるが、陽イオンのみが異なるKClの場合はさらに固くなる。これに対し、陰イオンのみが異なるNaIの場合は、圧縮弾性率は塩を添加しない場合とほとんど変わらず、柔らかい状態を保つ。一方、SAXSの結果は必ずしも力学測定の結果とは対応しておらず、圧縮弾性率に大きな差異のあるNaClとKClにおいて、SAXS曲線に大きな違いは見られない。わずかに $q=0.8 \text{ nm}^{-1}$ 付近のピーク強度がKClの方が小さくなっており、このわずかな差が圧縮弾性率には大きく寄与している可能性が示唆される。これに対して、NaIについては、低角領域の立ち上がりはNaClと比較して緩くなっており、大きな凝集構造の形成の程度が弱いことがNaIの圧縮弾性率の小ささと関連している可能性がある。今後、さらに多くの塩について同様の測定を行うことによって、陽イオンや陰イオンが物性とナノ構造に及ぼす影響ならびに現時点では不明の構造と物性の相関について明らかにする必要がある。

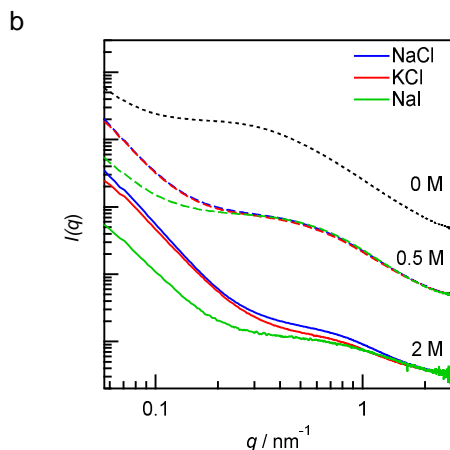
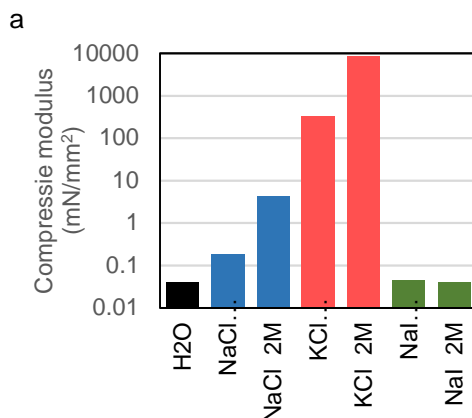


図3 40%グリアジンに異なる塩を添加した場合の (a) 圧縮弾性率および (b) SAXS 曲線の変化。SAXS 曲線は比較のため縦にシフトしている。

(4) グリアジン/グルテニン複合体の構造解析

小麦粉食品の物性は、生地の混捏によって形成されるグルテンの影響を強く受けることが知られているが、グルテンはグリアジンとグルテニンの2種のタンパク質の複合体である。そこで、グリアジンとグルテニンを混合したグルテンのモデル系についてSAXS測定を行い、グリアジンおよびグルテニン単独の場合の相違を比較した。図4に示すように、グリアジンが凝集体内部の疎密構造に由来するピークを持つなだらかな曲線を示すのに対し、グルテニンは特徴の少ない全体的に単調に増加する急な曲線となっている。これは、単量体が分子間相互作用によって凝集するグリアジンとは異なり、グルテニンが分子間ジスルフィド結合に由来する高分子量ネットワーク上のタンパク質であることを反映している。一方、グリアジンとグルテニンの1対1混合物は、グルテニンの散乱曲線に類似したプロファイルを示す。この結果は、分子量の大きいグルテニンの構造が散乱曲線には強く反映し、グリアジンの構造に由来する散乱が埋没してしまうためである。このように、通常のSAXSではグルテン中の個々のタンパク質の構造を解析することは難しい。そこで、グリアジンのみを重水素でラベルすることによって、重水素ラベルしていないグルテニンとの間で散乱コントラストをつける、コントラスト変調SANSの手法でグリアジン/グルテニン混合系中におけるグリアジンの構造のみを観測するこ

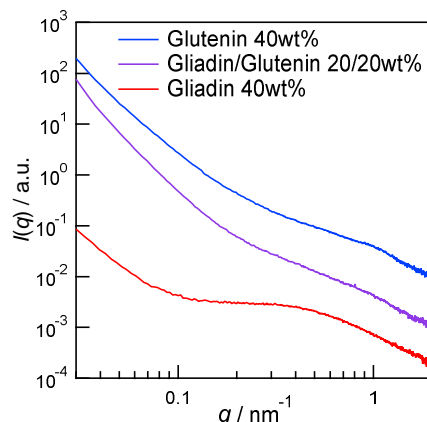


図4 全体濃度が40%になるように混合したグリアジンとグルテニンの混合物に対するSAXS測定の結果。

とを試みた。予備実験として、重水素ラベルしていないグルテニンを種々の組成の重水/軽水混合溶媒によって水和させたのちに SANS 測定を行い、グルテニンの中性子散乱が見かけ上消失するマッチングポイントを見積もったところ、重水比率 27% の溶媒中でグルテニンの散乱が極小となるものの、完全にグルテニンの散乱が消失するわけではないことが明らかになった。一方、十分な量の重水素化グリアジンの調製には成功しておらず、今後の研究の中で達成していく計画である。

(5) 大豆タンパク質グリシニンおよびβ-コングリシニンの構造解析

大豆タンパク質グリシニン(11S)およびβ-コングリシニン(7S)について、加熱に伴う変性の過程を SAXS を用いて追跡した。SAXS 測定においては、7S、11S とともに、3つのサブユニットが会合して形成する3量体環状構造に由来するピークが $q = 1 \text{ nm}^{-1}$ 付近に観測される。濃度 3% の 7S および 11S の水溶液および種々の濃度の NaCl を添加した KPi 緩衝溶液について、一定温度で 5 分間熱処理した後の構造変化を調べたところ、純水中では 60 付近で、 1 nm^{-1} 付近のピークが徐々に消失した。これは、熱変性による環状構造の消失によるものである。一方、KPi 緩衝溶液中では、純水中と比べて構造が安定化し、70 まで環状構造が維持された。系に NaCl を

加え全体のイオン強度を増大させると、この傾向はより顕著になった。KPi 緩衝溶液に NaCl を 0.4 M 加えると図 4a に示すように、80 近辺まで環状構造が保持され、熱安定性が向上することが明らかとなった。また、11S は 7S よりさらに高い安定性を有しており、0.4 M の NaCl を加えた KPi 溶液中では、90 まで環状構造を安定に維持することがわかった。このことから、大豆タンパク質の会合構造の安定化には系中のイオン強度が大きく影響することが明らかとなった。

他の食品の物性改善を目的として添加される分離大豆たんぱくのような食品素材においては、熱変性温度の制御は、多様な機能をもった素材の開発につながる。この成果は、そのための知見を提供するものである。

< 引用文献 >

- [1] N. Sato *et al.*, *J. Agric. Food Chem.*, **63**, 8715 (2015).
- [2] T. Ukai *et al.*, *J. Agric. Food Chem.*, **56**, 1122 (2008).

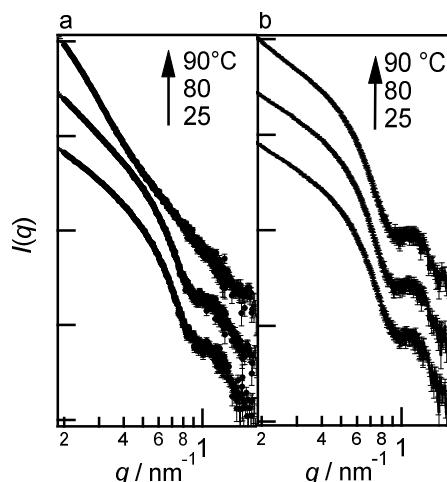


図 4 0.4 M NaCl を含む KPi 緩衝溶液中での加熱処理に伴う構造変化。(a) 7S、(b) 11S

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計11件（うち査読付論文 11件 / うち国際共著 1件 / うちオープンアクセス 4件）

1. 著者名 Okuda Aya, Shimizu Masahiro, Morishima Ken, Inoue Rintaro, Sato Nobuhiro, Urade Reiko, Sugiyama Masaaki	4. 巻 11
2. 論文標題 Solution structure of multi-domain protein ER-60 studied by aggregation-free SAXS and coarse-grained-MD simulation	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 5655
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-021-85219-0	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Okuda Aya, Inoue Rintaro, Morishima Ken, Saio Tomohide, Yunoki Yasuhiro, Yagi-Utsumi Maho, Yagi Hirokazu, Shimizu Masahiro, Sato Nobuhiro, Urade Reiko, Kato Koichi, Sugiyama Masaaki	4. 巻 18
2. 論文標題 Deuteration Aiming for Neutron Scattering	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Biophysics and Physicobiology	6. 最初と最後の頁 16 ~ 27
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2142/biophysico.bppb-v18.003	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Inoue Rintaro, Oda Takashi, Nakagawa Hiroshi, Tominaga Taiki, Saio Tomohide, Kawakita Yukinobu, Shimizu Masahiro, Okuda Aya, Morishima Ken, Sato Nobuhiro, Urade Reiko, Sato Mamoru, Sugiyama Masaaki	4. 巻 10
2. 論文標題 Dynamics of proteins with different molecular structures under solution condition	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 2555
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-020-78311-4	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Sato Nobuhiro, Yogo Rina, Yanaka Saeko, Martel Anne, Porcar Lionel, Morishima Ken, Inoue Rintaro, Tominaga Taiki, Arimori Takao, Takagi Junichi, Sugiyama Masaaki, Kato Koichi	4. 巻 -
2. 論文標題 A feasibility study of inverse contrast-matching small-angle neutron scattering method combined with size exclusion chromatography using antibody interactions as model systems	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 The Journal of Biochemistry	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/jb/mvab012	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Inoue Rintaro, Oda Takashi, Nakagawa Hiroshi, Tominaga Taiki, Saio Tomohide, Kawakita Yukinobu, Shimizu Masahiro, Okuda Aya, Morishima Ken, Sato Nobuhiro, Urade Reiko, Sato Mamoru, Sugiyama Masaaki	4. 巻 10
2. 論文標題 Dynamics of proteins with different molecular structures under solution condition	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 21678
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-020-78311-4	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Morishima Ken, Okuda Aya, Inoue Rintaro, Sato Nobuhiro, Miyamoto Yosuke, Urade Reiko, Yagi-Utsumi Maho, Kato Koichi, Hirano Rina, Kujirai Tomoya, Kurumizaka Hitoshi, Sugiyama Masaaki	4. 巻 3
2. 論文標題 Integral approach to biomacromolecular structure by analytical-ultracentrifugation and small-angle scattering	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Communications Biology	6. 最初と最後の頁 294
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s42003-020-1011-4	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Okuda Aya, Matsusaki Motonori, Masuda Taro, Morishima Ken, Sato Nobuhiro, Inoue Rintaro, Sugiyama Masaaki, Urade Reiko	4. 巻 168
2. 論文標題 A novel soybean protein disulphide isomerase family protein possesses dithiol oxidation activity: identification and characterization of GmPDIL6	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 The Journal of Biochemistry	6. 最初と最後の頁 393 ~ 405
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1093/jb/mvaa058	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Inoue Rintaro, Nakagawa Tatsuo, Morishima Ken, Sato Nobuhiro, Okuda Aya, Urade Reiko, Yogo Rina, Yanaka Saeko, Yagi-Utsumi Maho, Kato Koichi, Omoto Kazuki, Ito Kazuki, Sugiyama Masaaki	4. 巻 9
2. 論文標題 Newly developed Laboratory-based Size exclusion chromatography Small-angle x-ray scattering System (La-SSS)	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 12610
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-019-48911-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Takata Takumi, Nakamura Hirota Tooru, Inoue Rintaro, Morishima Ken, Sato Nobuhiro, Sugiyama Masaaki, Fujii Noriko	4. 巻 285
2. 論文標題 Asp 58 modulates lens A crystallin oligomer formation and chaperone function	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 The FEBS Journal	6. 最初と最後の頁 2263 ~ 2277
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/febs.14475	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Urade Reiko, Sato Nobuhiro, Sugiyama Masaaki	4. 巻 10
2. 論文標題 Gliadins from wheat grain: an overview, from primary structure to nanostructures of aggregates	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Biophysical Reviews	6. 最初と最後の頁 435 ~ 443
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s12551-017-0367-2	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Yogo Rina, Yanaka Saeko, Yagi Hirokazu, Martel Anne, Porcar Linoel, Ueki Yutaro, Inoue Rintaro, Sato Nobuhiro, Sugiyama Masaaki, Kato Koichi	4. 巻 12
2. 論文標題 Characterization of conformational deformation-coupled interaction between immunoglobulin G1 Fc glycoprotein and a low-affinity Fc receptor by deuteration-assisted small-angle neutron scattering	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Biochemistry and Biophysics Reports	6. 最初と最後の頁 1 ~ 4
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.bbrep.2017.08.004	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計12件（うち招待講演 1件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 佐藤信浩, 裏出令子, 奥田綾, 守島健, 井上倫太郎, 杉山正明
2. 発表標題 X線小角散乱を用いた大豆タンパク質の凝固にともなうナノ構造解析
3. 学会等名 日本食品科学工学会第66回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Nobuhiro Sato, Reiko Urade, and Masaaki Sugiyama
2. 発表標題 Small-angle Scattering Analysis of Nanostructure of Hydrated Wheat Protein Assembly
3. 学会等名 Asia-Oceania Conference on Neutron Scattering 2019 (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 佐藤信浩
2. 発表標題 量子ビーム小角散乱を用いた植物性食品タンパク質のナノ構造解析
3. 学会等名 PF研究会「量子ビームを活用した食品科学」
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 佐藤信浩, 裏出令子, 奥田綾, 守島健, 井上倫太郎, 杉山正明
2. 発表標題 X線小角散乱でみる大豆タンパク質のナノ構造に対する緩衝剤および塩の影響
3. 学会等名 日本農芸化学会 2020年度大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 佐藤信浩, 裏出令子, 東野ゆうき, 久保田秀人, 杉山正明
2. 発表標題 X線小角散乱でみるグリアジン水和凝集体のナノ構造: NaCl 添加と脱アミド化の効果
3. 学会等名 日本食品科学工学会第65回大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 佐藤信浩, 東野ゆうき, 井上倫太郎, 杉山正明, 裏出令子
2. 発表標題 A SAXS study of thermal denaturation and coagulation of a major soybean storage protein -conglycinin
3. 学会等名 日本生物物理学会第55回年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 佐藤信浩, 裏出令子, 守島健, 井上倫太郎, 杉山正明
2. 発表標題 小角散乱法による小麦タンパク質グリアジン/グルテニン複合体の構造解析
3. 学会等名 日本中性子科学会第18回年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 佐藤信浩, 裏出令子, 守島健, 井上倫太郎, 杉山正明
2. 発表標題 X線・中性子小角散乱によるグリアジン/グルテニン複合体の集合構造解析
3. 学会等名 日本農芸化学会2019年度大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 東野ゆうき, 佐藤信浩, 杉山正明, 清水祥, 大原英之, 裏出令子
2. 発表標題 グリアジンのナノ凝集体構造に対する塩の作用
3. 学会等名 日本農芸化学会2018年度大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 佐藤信浩、與語理那、谷中冴子、Anne Martel、Lionel Porcar、守島健、井上倫太郎、富永大輝、有森貴夫、高木淳一、杉山正明、加藤晃一
2. 発表標題 SEC-iCM-SANSによる抗体分子の精密構造解析
3. 学会等名 量子ビームサイエンスフェスタ
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 佐藤信浩、守島健、井上倫太郎、與語理那、谷中冴子、矢木宏和、加藤晃一、Anne Martel、Lionel Porcar、杉山 正明
2. 発表標題 タンパク質会合体の精密構造解析のための分析超遠心、SEC-SAXS およびSEC-ICM-SANS の統合的利用
3. 学会等名 日本中性子科学会第20回年会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 佐藤信浩
2. 発表標題 量子ビーム小角散乱による食品タンパク質構造解析の新展開
3. 学会等名 第34回放射光学会年会（招待講演）
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

論文リスト 京都大学複合原子力科学研究所 https://www.rri.kyoto-u.ac.jp/research/activity/p_list 京都大学複合原子力科学研究所-研究成果-論文リスト http://www.rri.kyoto-u.ac.jp/research/activity/p_list

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
連携研究者	裏出 令子 (Urade Reiko) (90167289)	京都大学・複合原子力科学研究所・特任教授 (14301)	
連携研究者	杉山 正明 (Sugiyama Masaaki) (10253395)	京都大学・複合原子力科学研究所・教授 (14301)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関		
フランス	Insitut Laue Langevin		