

酵素タンパク質の真の構造と動きの解析



産業科学研究所 生体分子反応科学研究分野

准教授 岡島 俊英

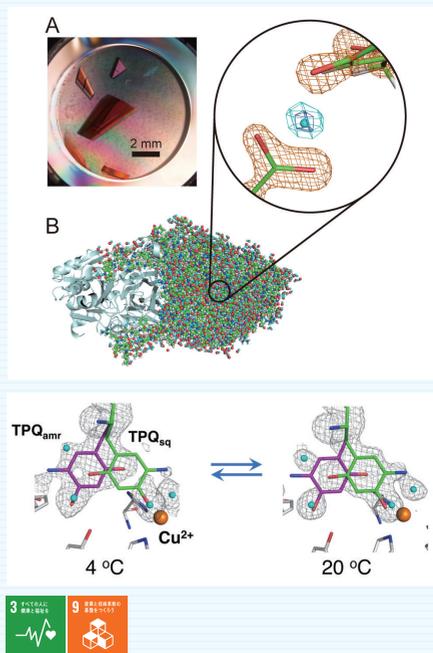
▶ 特徴・独自性

タンパク質からなる酵素は生命現象を実質的に支える分子マシンであり、化学反応を常温常圧で高効率に触媒し、生物に必要な分子の代謝と生合成反応を行なっています。その作用機構を理解するためには、構造と動きを原子レベルで理解することが必須です。我々は様々な構造解析手法を用いて、酵素の真の姿に明らかにすることを目指しています。最も軽い原子である水素原子は、タンパク質原子数の約半分を占めていますが、通常のX線結晶構造解析ではみることが困難です。我々は、中性子結晶構造解析によって、大型酵素タンパク質の全水素原子の可視化に成功し、「宙に浮いた」かのように見える特異な水素原子（プロトン）が酵素反応に寄与することを見出しています。また、非凍結タンパク質結晶を常温で安定に保ってX線結晶構造解析を行うことにも成功し、天然に近い結晶状態での酵素の動きを明らかにしました。精密な温度制御によって、結晶中で酵素反応に必要な動きの熱力学解析に世界で初めて成功しました。

▶ 研究の先に見据えるビジョン

酵素タンパク質の機能・構造特性を本質的に理解する手段をもつことは、様々な機能性・応用性もつ

酵素を設計し、創り出すことに結びつくと考えています。構造解析を基盤として、特定の有害物質を分解したり、あるいは薬となる化合物を作り出すような様々な有用酵素の開発を目指しています。



特許

論文

In crystallo thermodynamic analysis of conformational change of the topaquinone cofactor in bacterial copper amine oxidase
T. Murakawa, S. Baba, Y. Kawano, H. Hayashi, T. Yano, T. Kumasaka, M. Yamamoto, K. Tanizawa, T. Okajima
Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 2019, 116(1), 135-140.

Neutron crystallography of copper amine oxidase reveals keto/enolate interconversion of the quinone cofactor and unusual proton sharing.
T. Murakawa, K. Kurihara, M. Shoji, C. Shibazaki, T. Sunami, T. Tamada, N. Yano, T. Yamada, K. Kusaka, M. Suzuki, Y. Shigetani, R. Kuroki, H. Hayashi, T. Yano, K. Tanizawa, M. Adachi, T. Okajima
Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 2020, 117 (20), 10818-10824

参考URL

https://resou.osaka-u.ac.jp/ja/research/2018/20181220_1
https://resou.osaka-u.ac.jp/ja/research/2020/20200428_1
<https://www.sanken.osaka-u.ac.jp/labs/smb/>

キーワード

酵素、X線結晶構造解析、中性子結晶構造解析、水素原子、構造変化