

原子分子構造研究領域の研究紹介

原子分子構造

原子分子構造研究領域では、X線結晶構造解析の手法を用いて主にタンパク質分子の立体構造を決定し、その構造と機能・物性の発現機構との関連について解明する研究を行っている。主な研究テーマとして、酵素の基質認識様式および触媒反応機構の解明、高温または低温の極限環境下で生育する微生物由来タンパク質の環境適応戦略の解明を目指している。

<レゾルシノール分解系酵素群の構造基盤研究>

根粒菌の炭素源獲得に重要な役割を担っているレゾルシノール分解系酵素群を対象に、酵素の構造と機能・物性発現の関係について研究を行っている。根粒菌 *Rhizobium* のレゾルシノール代謝に関与する酵素は四種類存在し、代謝経路が図1のように提案されている。この系の最初の過程にかかわるレゾルシノール水酸化酵素は二成分系酵素で、酸素添加酵素コンポーネントである GraA と還元酵素コンポーネントである GraD の両者が協同して酵素活性が発現される。GraB はヒドロキシキノール 1,2-ジオキシゲナーゼ活性を示し、GraC は NADH を補酵素としてマレイル酢酸還元酵素活性を示す。

当研究領域では、これら四種のタンパク質のうち、GraA、GraC、GraD の三種の構造決定に成功し、立体構造に基づいた機能発現機構の解明に向けて研究を進めている。また、これらのタンパク質をコードする遺伝子群クラスターに属す *graE* 遺伝子の産物である GraE タンパク質についても解析を進めている。

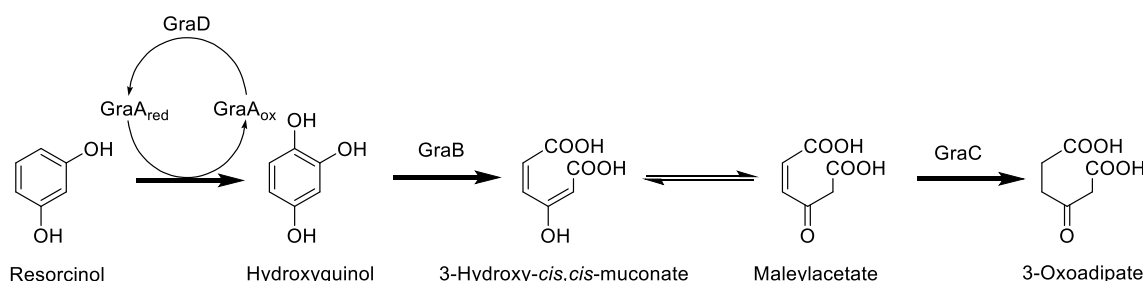


図1. 根粒菌のレゾルシノール代謝経路

<アスパラギン酸ラセマーゼの結晶構造解析>

D-アミノ酸は生体内で重要な機能を担っており、アミノ酸ラセマーゼにより生合成される。アミノ酸ラセマーゼはピリドキサルリン酸 (PLP) 依存型と非依存型に分類されるが、PLP 非依存型ラセマーゼの反応機構に関しては未だ明らかになっていないことが多い。当研究領域では、PLP 非依存型ラセマーゼである細菌由来アスパラギン酸ラセマーゼを対象に、その反応機構の解明と温度環境に対する適応戦略の解明を目的に結晶構造解析を行っている。これまでに、低温環境下で生育する乳酸菌 *Lactobacillus sakei* NBRC 15893 由来の低温～常温性アスパラギン酸ラセマーゼ (LsAspR) および超好熱性古細菌 *Thermococcus litoralis* DSM 5473 由来の耐熱性アスパラギン酸ラセマーゼ (TlAspR) の構造決定に成功しており、立体構造に基づいた反応機構の解明と温度環境に対する適応戦略の解明に向けて研究を進めている。