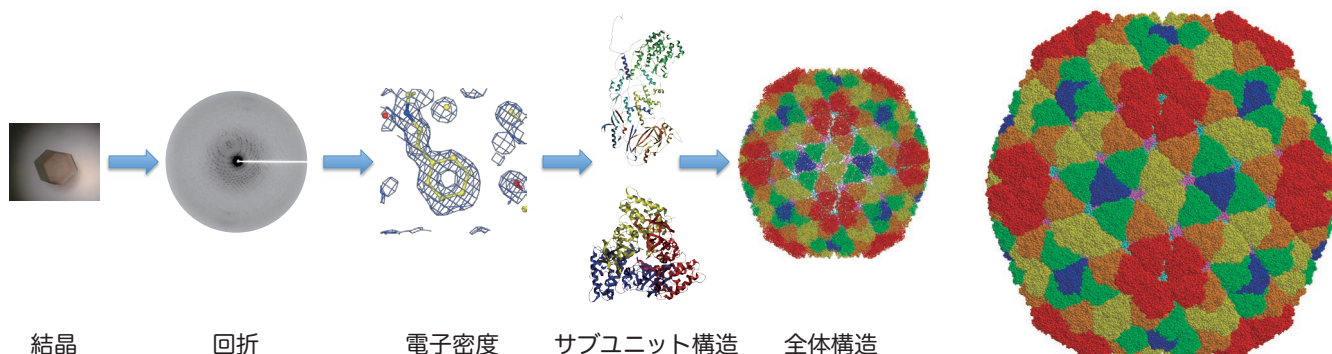


複雑な生体超分子複合体の構造を 高精度で決定する

< スタッフ > 中川 敦史 教授、山下 栄樹 准教授、鈴木 守 准教授、東浦 彰史 助教、
竹下 浩平 特任助教、成田 宏隆 特任助教

複雑な生命現象も、分子レベルでみると様々な分子の働きの積み重ねによるもので、タンパク質や核酸といった生体高分子の間の相互作用や化学反応によって営まれています。タンパク質はアミノ酸が鎖状につながってできた巨大な高分子ですが、きちんとした立体構造をとることがその機能を生み出すのに不可欠です。タンパク質の立体構造を詳細に知ることは、生命現象を理解する重要な鍵となります。

生体内では、タンパク質や核酸などの分子が集まってきちんとした形をつくることで働いている生体超分子複合体と呼ばれる巨大な分子集合体も数多く知られています。私たちの研究室では、SPring-8の放射光やSACLAのX線自由電子レーザーを利用して、巨大なウイルスや院内感染の原因菌である緑膿菌の多剤耐性に関連したタンパク質複合体などといった生体超分子複合体や脳・神経系の働きに密接に関連したタンパク質など生物科学的に重要なタンパク質の立体構造決定を行っています。



X線結晶構造解析による生体超分子複合体の構造解析の流れ

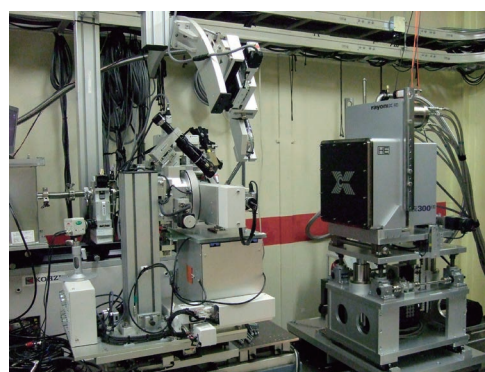
放射光を利用して構造解析された
イネ萎縮ウイルスの立体構造

TOPIC

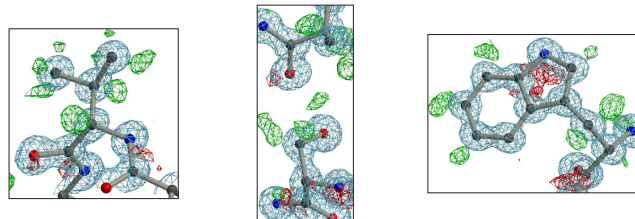
最新研究トピック

私たちの研究室では、SPring-8の生体超分子複合体構造解析ビームライン（蛋白研ビームライン）を管理・運営し、生体超分子複合体の高精度な構造解析のためのデータ収集法の開発を進めています。このビームラインでは、平行性が高く非常に明るいSPring-8のアンジュレータX線を利用して、平成24年度末に導入した大面積で高速データ収集が可能な高感度二次元検出器と組み合わせることで、分子量が1000万を超える巨大な生体超分子複合体結晶からの高分解能な回折強度データ収集を行うことができます。生体超分子複合体からの高精度な回折強度データの収集を目指した放射光ビームラインとして世界唯一のユニークな施設であり、国内外からの数多くの研究者に広く利用されています。また、このビームラインを利用した高精度なデータ収集法の開発も行っており、通常のX線結晶構造解析では観測することが難しい水素原子や結合電子の可視化を目指した高分解能構造解析の研究も行っています。

さらに、X線自由電子レーザー施設SACLAを利用して、ウイルスなどのように球状の構造を有する生体超分子複合体について、結晶を必要としないで高分解能の構造解析を目指すプロジェクトも進めています。



SPring-8の蛋白研ビームライン
(生体超分子複合体構造解析ビームライン、BL44XU)



高分解能X線結晶構造解析による水素の可視化

URL : <http://www.protein.osaka-u.ac.jp/rcsfp/supracryst/>