

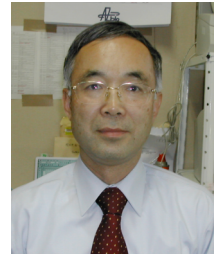
# 極限生命工学

—蛋白質の機能と構造の研究—

教授 金谷茂則、准教授 高野和文、助教 古賀雄一、  
特任助教 クレメン アンカウィジャヤ

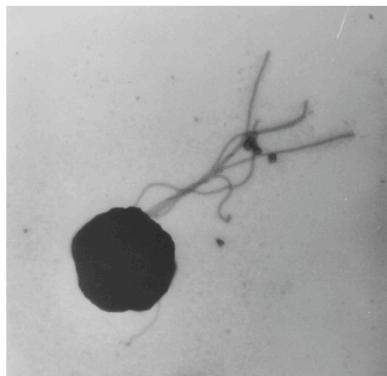
URL: <http://www-bio.mls.eng.osaka-u.ac.jp/>

E-mail: [kanaya@mls.eng.osaka-u.ac.jp](mailto:kanaya@mls.eng.osaka-u.ac.jp)

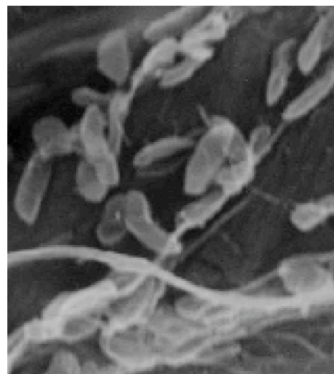


## 極限酵素の環境適応機構の研究

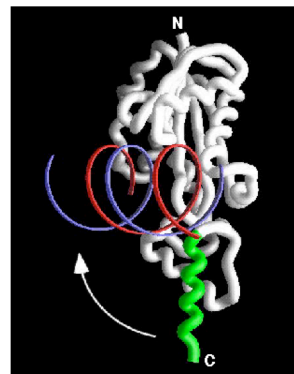
超好熱菌や低温菌から、産業上有用な蛋白質を単離すること、その耐熱化機構や低温適応機構を明らかにすること、さらには蛋白質の機能を作業環境に合うように最適化する技術を開発することを目標に研究を行っています。そのために、これらの菌が生産する様々な酵素の特性を解析すると共に、その安定性、フォールディング、機能発現機構などを解析しています。蛋白質は温和な環境下でも高度な機能を発揮し、また自然界で容易に分解・再利用されるので、これらの研究は、環境に負荷のかからない新たな触媒や材料の開発に役立つと期待されます。



Hyperthermophilic archaeon KOD1



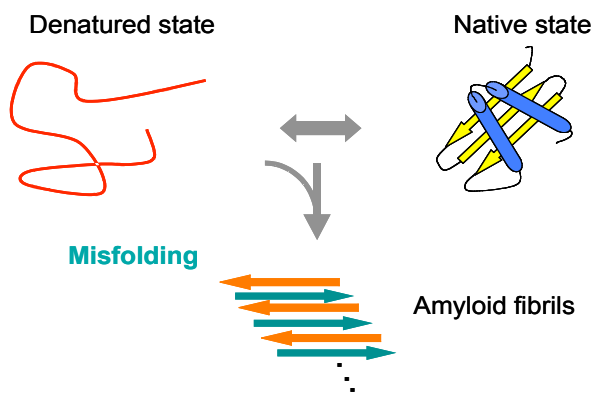
Psychrotrophic bacterium SIB1



Crystal structure of KOD1 RNase H11

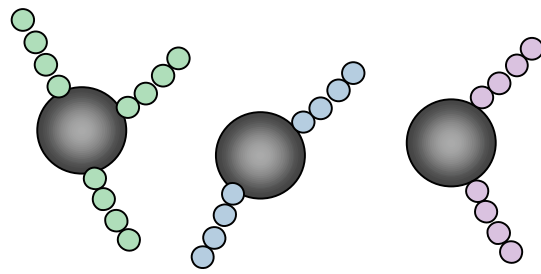
## 蛋白質構造構築機構

蛋白質の構造構築機構を解明するとは、蛋白質の立体構造がそのアミノ酸配列によってどのように決定されているのかを明らかにすることで、生物・物理・化学にまたがる重要な基礎課題です。構造安定性・配列-構造相関・構造解析・フォールディング（ミスフォールディング・アミロイド線維形成）などの研究を通して、「蛋白質の構造構築メカニズムを説く」ことを目指しています。



## コンビナトリアルプロテインエンジニアリング

蛋白質の構造構築機構を解明するとは、蛋白質の立体構造がそのアミノ酸配列によってどのように決定されているのかを明らかにすることで、生物・物理・化学にまたがる重要な基礎課題です。構造安定性・配列-構造相関・構造解析・フォールディング（ミスフォールディング・アミロイド線維形成）などの研究を通して、「蛋白質の構造構築メカニズムを説く」ことを目指しています。



## 蛋白質創晶工学（バイオクリスタルデザイン）

ポストゲノム時代で重要となる蛋白質構造解析においては蛋白質の高品質結晶化技術が不可欠です。本研究では、フェムト秒レーザーを用いた結晶核発生、溶液攪拌による大型高品質化という、新しい原理の結晶化技術を高度化し、蛋白質完全結晶創成システムの実現を目指します。

## 主要論文（2007年発表）

- (1) Crystal structure of unautoprocessed precursor of subtilisin from a hyperthermophilic archaeon: evidence for  $\text{Ca}^{2+}$ -induced folding, Tanaka, S., Saito, K., Chon, H., Matsumura, H., Koga, Y., Takano, K., and Kanaya, S., *J. Biol. Chem.*, **282** (11), 8246-8255 (2007).
- (2) Directed evolution of Tk-subtilisin from a hyperthermophilic archaeon: identification of a single amino acid substitution in the propeptide region responsible for low-temperature adaptation, Pulido, M., Koga, Y., Takano, K., and Kanaya, S., *Protein Eng. Des. Sel.*, **20** (3), 143-153 (2007).
- (3) Conformational contagion in a protein: structural properties of a chameleon sequence, Takano, K., Katagiri, Y., Mukaiyama, A., Chon, H., Matsumura, H., Koga, Y., and Kanaya, S., *Proteins*, **68**, 617-625 (2007).
- (4) Structural, thermodynamic, and mutational analyses of a psychrotrophic RNase HI., Tadokoro, T., You, D-J., Chon, H., Matsumura, H., Koga, Y., Takano, K., and Kanaya, S., *Biochemistry*, **46**, 7460-7468 (2007).
- (5) Identification of the gene encoding a Type 1 RNase H with an N-terminal double-stranded RNA binding domain from a psychrotrophic bacterium, Tadokoro, T., Chon, H., Koga, Y., Takano, K., and Kanaya, S., *FEBS J.*, **274**, 3715-3727 (2007).
- (6) Four new crystal structures of Tk-subtilisin in unautoprocessed, autoprocessed and mature forms: insight in structural changes during maturation process, Tanaka, S., Matsumura, H., Koga, Y., Takano, K., and Kanaya, S., *J. Mol. Biol.*, **372**, 1055-1069 (2007).
- (7) Crystal structure of type 1 RNase H from hyperthermophilic archaeon *Sulfolobus tokodaii*: role of Arg118 and C-terminal anchoring, You, D-J., Chon, H., Koga, Y., Takano, K., and Kanaya, S., *Biochemistry*, in press (2007).
- (8) Structural and thermodynamic analyses of *E. coli* ribonuclease HI variant with quintuple thermostabilizing mutations, Haruki, M., Tanaka, M., Motegi, T., Tadokoro, T., Koga, Y., Takano, K., and Kanaya, S., *FEBS J.*, in press (2007).
- (9) Crystal structure of a family I.3 lipase from *Pseudomonas* sp. MIS38 in a closed conformation, Angkawidjaja, C., You, D-J., Matsumura, H., Kuwahara, K., Koga, Y., Takano, K., and Kanaya, S., *FEBS Lett.*, in press (2007).
- (10) Requirement of left-handed glycine residue for high stability of the Tk-subtilisin propeptide as revealed by mutational and crystallographic analyses, Pulido, M., Tanaka, S., Sringiew, C., You, D-J., Matsumura, H., Koga, Y., Takano, K., and Kanaya, S., *J. Mol. Biol.*, in press (2007).

For other papers, see: <http://www.bio.mls.eng.osaka-u.ac.jp/>