



教授 栗栖 源嗣 (Genji KURISU)

gkurisu@protein.osaka-u.ac.jp

助教 川本 晃大 (Akihiro KAWAMOTO)

kawamoto@protein.osaka-u.ac.jp

URL: <http://www.protein.osaka-u.ac.jp/crystallography/LabHP/>

我々は、蛋白質結晶学とクライオ電子顕微鏡の手法で蛋白質複合体の立体構造を解析し、立体構造に基づいて生命機能を理解しようという研究室です。精製した蛋白質の構造を解析することで、全ての生命現象を理解できると思いませんが、生命が持つ基本的な反応系、例えば「呼吸」、「光合成」、「生体運動」などに限って考えた場合、その働きは複合体蛋白質の立体構造を基に理解することができます。今にも回り出しそうな状態で構造解析されたF1-ATPaseの結晶構造(1998年ノーベル化学賞)などはその良い例でしょう。我々の研究室では「光合成」「エネルギー変換」「生体超分子」をキーワードに、以下のような研究プロジェクトを進めています。

光合成生物のエネルギー変換反応、レドックス代謝ネットワーク

エネルギー変換膜に存在する膜蛋白質複合体やその周辺の蛋白質を結晶化し構造解析することにより、生体膜とリンクした機能発現機構の解明を目指しています。具体的には、光化学系I複合体からフェレドキシンを介して窒素同化酵素へ電子が伝達される仕組み、チトクロムb6/f複合体に電子が循環する仕組み、さらには光環境に適応して組み上がる超分子複合体形成の仕組みを複合体状態の結晶構造を基に理解したいと考えています。光環境適応の構造研究は、ロンドン大学クイーン・メアリー(イギリス)、ルール大学ボーフム(ドイツ)、ミュンスター大学(ドイツ)との国際共同研究として行っています。

巨大な生体分子モーターであるダイニンの構造-機能相関の解明

モーター蛋白質は、ヌクレオチド状態に依存する構造変化により運動活性を生み出しています。我々は、微小管系モーター蛋白質であるダイニンの運動機構を完全に理解することを目指して、ダイニンモータードメインの構造解析を行っています。特に、構造の明らかになっていない軸系ダイニンのモータードメイン、その中でも微小管結合領域を含む「ストーク」と呼ばれる長いコイルドコイル領域に注目して構造研究を進めています。また、構造研究の進んでいる細胞質ダイニンについても、ストーク領域が微小管と結合・解離する構造基盤をあきらかにするため、NMRや分子動力学計算も併用して高分解能での構造解析を目指しています。

金属蛋白質の精密構造研究

生体中には鉄や銅などの金属を酸化還元中心にもつ金属蛋白質が多く存在しています。高輝度放射光を用いることで、様々な金属蛋白質の構造が明らかになってきましたが、一方で放射線損傷や測定中のX線照射による還元など、化学的に厳密な構造解析をすることができない状況でした。X線自由電子レーザーや中性子構造解析法を適用することで、redox状態を厳密にコントロールしながらより精密な構造解析を行っています。

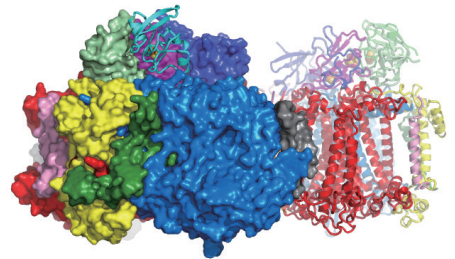


図1. 光化学系Iと電子伝達蛋白質フェレドキシンの複合体結晶構造 (Nature Plants 2018)

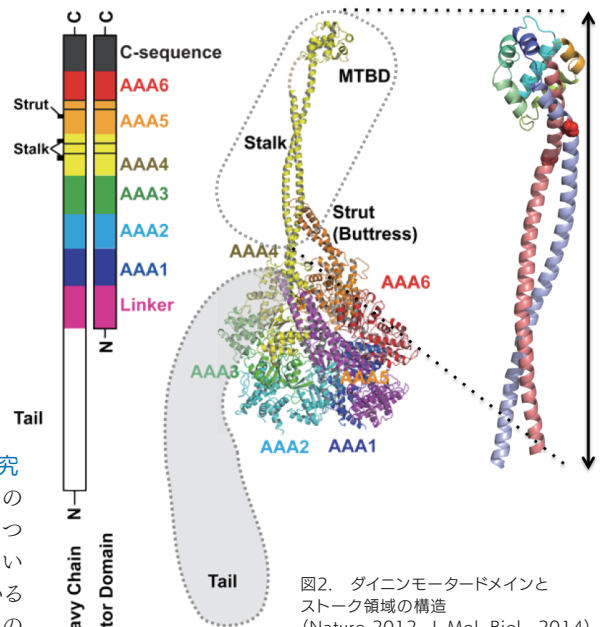


図2. ダイニンモータードメインとストーク領域の構造 (Nature 2012, J. Mol. Biol., 2014)

この研究室は2025年度に学生を募集しません

〒565-0871 大阪府吹田市山田丘3-2
大阪大学蛋白質研究所
TEL:06-6879-8604
FAX:06-6879-8606



研究室のHPはこちら