

提出日：平成 29 年 5 月 19 日

平成 28 年度 大阪大学蛋白質研究所 拠点事業

(2) 研究成果の概要

課題名	タンパク質立体構造上のイントロン位置が形成する平面とそこに含まれるリガンドに関する動的構造の解析		
研究代表者	氏名	野坂 通子	
	所属機関名・部局名	佐世保工業高等専門学校・物質工学科	
	職名	准教授	
事業名 (該当の事業名の右欄に○)	○	共同研究員	
		超高磁場NMR 共同利用研究課題	
		クライオ電子顕微鏡共同利用研究課題	
		客員フェロー	
蛋白研受入担当教員名	中村 春木 教授		
<p>昨年度迄にエクソン単位のペプチド、複数のエクソンを繋げたペプチドの構造予測を行い、実際の立体構造を比較すると、エクソン単独で予測した構造と直前のエクソンと繋いだ状態で予測した構造の劇的な違い（発表図参照）が観察されました。その理由を探るべく、関連する論文を調べて行くと、このタンパク質は、モルテングロビュール構造になる可能性がある事に至りました。同じタンパク質研究所の後藤教授が同じファミリーに属するラクトグロブリンを研究しておられたので、話を伺う等して、この現象の意味を考察しました。結論を出すには不十分かもしれませんが、少なくとも、タンパク質立体構造の構築原理に関わる予測として提示出来るものが得られました。</p> <p>一方、繋いだエクソンの両端を半分にしたもの、C末から少しずつ削って行ったペプチドの構造予測を行い比較して行った所、幾つかの興味深い構造上の違いが得られました。現在その解析を中心に進めていますが、これらの構造比較について定量化する必要があります。そこで今回は、通常使われる重ね合わせのズレ(R. M. S.)とは異なる指標を、Orengo らの論文を参考として検討しました。</p> <p>立体構造を構築する上で、エクソン毎に区切る意義がある様に思われましたが、違いが明確に出たものとそうでないものがあり、これらを定量的に表現する事になりました。現在、その定量化を確定して解析している所です。新しい指標から、予測構造は X 線構造解析の結果より幾らかコンパクトである傾向が全体的に見られました。</p>			

※本様式は、“拠点事業成果報告”として、拠点ホームページにて公開させていただく予定です。

※必ず A4 用紙 1 枚におさめて下さい。 ※提出期限：平成 29 年 5 月 19 日（金） ※提出の際は PDF 変換して下さい。

※提出先：大阪大学蛋白質研究所拠点プロジェクト班 E-mail: tanpakuken-kyoten@office.osaka-u.ac.jp