

提出日：平成 30 年 月 日

平成 29 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○)	<input type="radio"/>	共同研究員	
	<input type="radio"/>	超高磁場NMR 共同利用研究課題	
	<input type="radio"/>	クライオ電子顕微鏡共同利用研究課題	
	<input type="radio"/>	客員フェロー	
蛋白研受入担当教員名	中村 春木 教授		
<p>一昨年度迄にエクソン単位の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、ある条件下で特殊な構造に変化する事が判りました。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。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ので、更に検証する方法を模索しました。</p> <p>昨年度は、エクソンの途中で区切ったペプチドの構造予測を系統的に行い、構造比較しました。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、Orengo らの論文を参考として、通常使われる重ね合わせのズレ R. M. S. (Root Mean Square) とは異なる、原子間距離を使った指標を設定し、現実の構造との対応を評価し乍ら、基準値を決定して比較しました。</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。その定量化を確定して解析しました。新しい指標から、予測構造は X 線構造解析の結果よりも幾らかコンパクトな構造をとる傾向が全体的に見られました。これらの結果と考察を合わせて、論文として纏めている所です。（第一ドラフトを書いて英文校正に回していますが、補足的な計算も行っています。）</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 30 年 5 月 18 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