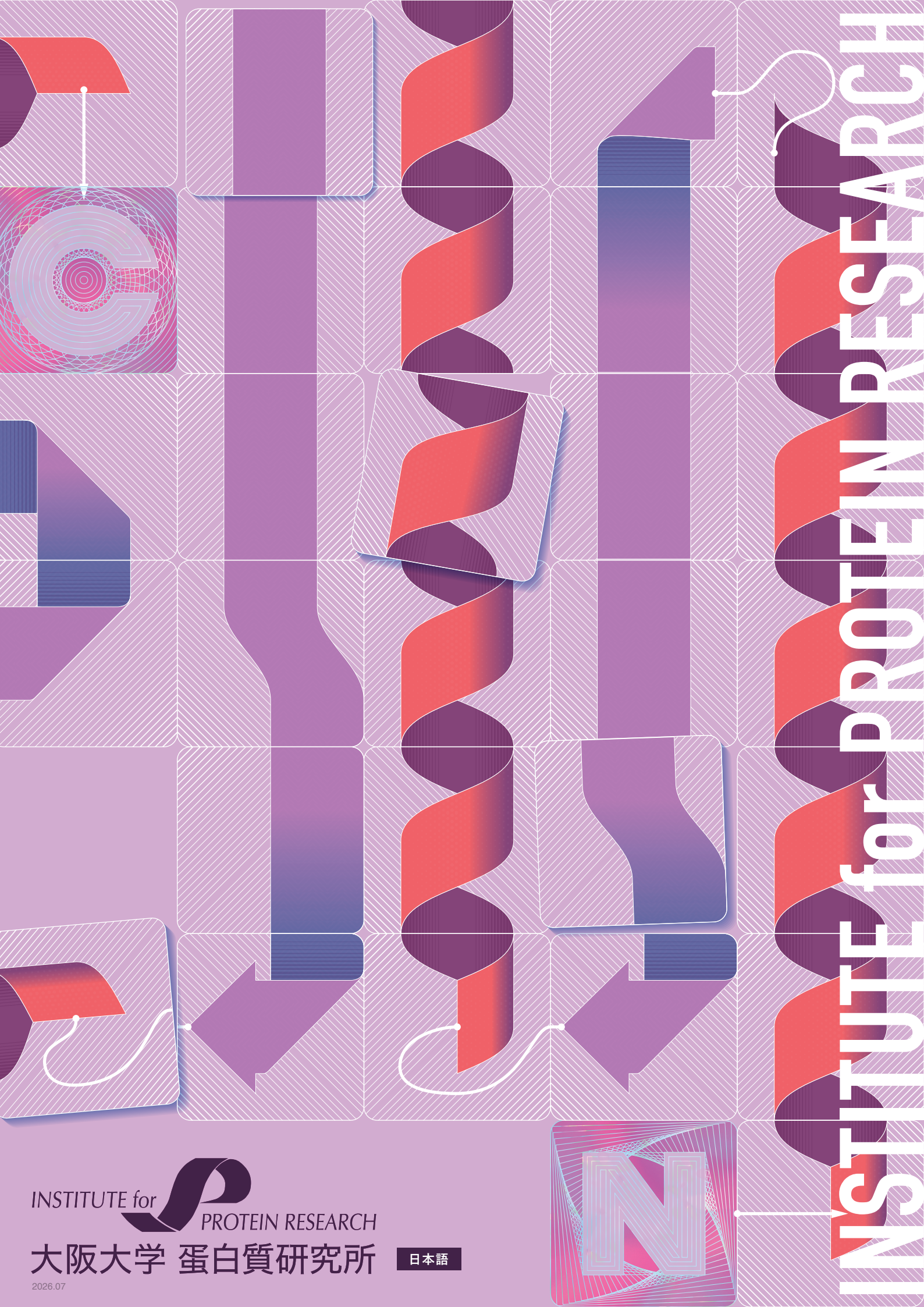
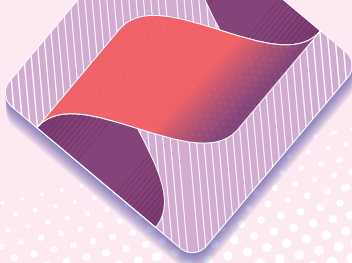




INSTITUTE for PROTEIN RESEARCH



蛋白質で推進する 革新的な生命科学研究

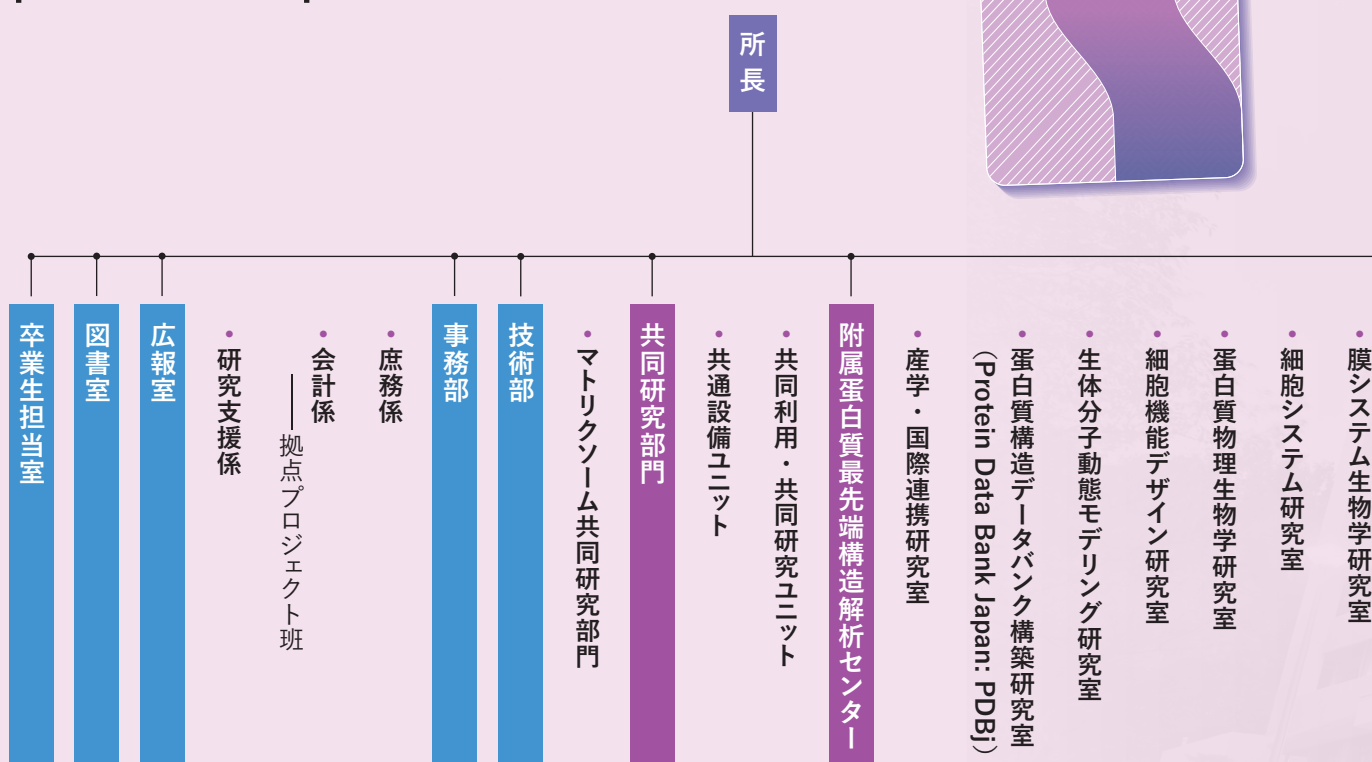


所長 栗栖源嗣

蛋白質研究所は、他ではなし得ない化学・物理学・生物学・医学、そして情報科学を総動員した最先端かつオリジナリティの高い生命科学研究を実施する研究所です。併せて、超高磁場NMR装置群、SPRING-8の蛋白研ビームラインやCryo電子顕微鏡とCryo-FIB装置など、研究室単独では導入が難しい大型機器を高度化し国内外のコミュニティに貢献する拠点としての役割も求められています。また、国際的なデータベースであるProtein Data Bankのアジア拠点として国際的な情報拠点としての活動にも継続して取り組んでいます。

研究所を取り巻く環境は、ここ数年で大きく様変わりしました。従来の研究手法にデータ科学・情報科学のアプローチを融合させAIを活用することで新しい研究成果が多数発信されています。このような状況認識の下で、蛋白質研究所でもデータ駆動型研究の強化が図られてきました。今後もこの流れを大切に、分子情報からネットワーク情報に至る革新的な生命科学研究を進めていく所存です。ご支援のほど宜しくお願いいたします。

Organization 組織



Protein characterization, design and Beyond

蛋白質の存在様式は多様であり、それに関わる生命現象も多岐にわたっています。

蛋白質の研究は、その多様性を反映して、基礎から応用まで多方面にわたって行われる必要があります。そのため、蛋白質についての研究を効率的に発展させていくためには、異なる専門分野の研究者が密接に協力して集中的に研究を進めていくことが不可欠であり、それにふさわしい充実した設備と施設を備えた、全国の研究者の討論と交流の場が必要です。

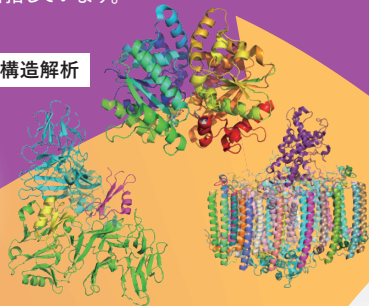
このような要請に応じて、蛋白質研究所が 1958 年に全国共同利用研究所として創設されました。その後の蛋白質研究は著しく発展し、構造解析手法や化学合成法の飛躍的な進歩によって蛋白質やその複合体の機能・構造に基づく高次生命機能の解明が進みつつあります。

蛋白質研究所では、X 線結晶構造解析、高磁場 NMR、クライオ電子顕微鏡といった大型計測装置を利用した立体構造解析と蛋白質構造のデータベースの整備運用、蛋白質の機能予測や新規蛋白質デザイン、蛋白質の化学合成、蛋白質の高次機能の解明といった多階層の研究の推進と技術提供を通じて社会問題の解決に向けた実用化を目指しています。

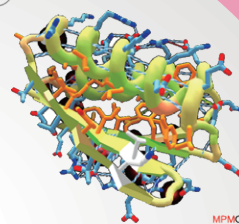
蛋白質立体構造解析



クライオ電子顕微鏡

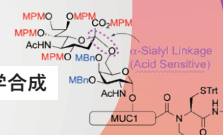


蛋白質の機能予測



新規蛋白質デザイン

蛋白質の化学合成



蛋白質の高次機能解明



蛋白質研究所

計測・実験・検証
予測・デザイン・合成
データサイエンス



社会問題の解決へ 向けた実用化

創薬・癌・感染症・
脳科学・神経科学・分子設計

・計算生物学研究室

・蛋白質デザイン研究室

附属蛋白質先端データ科学
研究センター (ASPIRE)

・超分子構造解析学グループ

・機能構造計測学グループ

・オルガネラバイオロジー研究室

・スピン構造生物学研究室

・ゲノム・染色体機能研究室

・分子発生学研究室

・分子創製学研究室

・蛋白質有機化学研究室

・高次脳機能学研究室

・生物分子認識学研究室

・電子線構造生物学研究室

・蛋白質結晶学研究室

蛋白質統合科学研究部門

所長戦略室

専門委員会

運営協議会

教授会



蛋白質統合科学研究部門



蛋白質結晶学研究室 栗栖 源嗣 | 結晶学

兼任：ASPiRE、蛋白質最先端構造解析センター

蛋白質の精密構造解析によって生命システムを理解する

X線結晶解析を軸に電子顕微鏡やNMRそして質量分析を併用し、蛋白質複合体を解析して分子の構造と機能との相関を説明します。それにより光合成やダイニン分子モーターなど、制御された生体エネルギー変換の仕組みの理解を目指しています。さらに、金属酵素および生理活性物質を対象に中性子結晶解析やMicroED法による精密構造解析法の開発も実施しています。



電子線構造生物学研究室 加藤 貴之 | 構造生物学

兼任：蛋白質最先端構造解析センター

クライオ電顕により生体高分子の高次立体構造と機能を解析する

分子モーターがもつ高エネルギー変換効率など、生物が持つ優れた機能メカニズムをクライオ電子顕微鏡による構造解析によって明らかにします。また、クライオ電子顕微鏡における蛋白質立体構造の高分解能解析技術の開発や蛋白質の熱揺らぎ解析法の確立を進めています。



生物分子認識学研究室 山下 敦子 | 構造生物学

タンパク質分子の構造と機能から、生物の外界認識を理解する

生物による外界の認識は、その接点に位置する受容体や輸送体などのタンパク質分子が、外界からのさまざまな情報を認識することから始まります。私たちは、これらの分子群の構造や機能を解析することで、その情報認識・情報伝達メカニズムを明らかにし、ひいては生物がこの世界をどのように認識しているのかを理解することを目指します。



高次脳機能学研究室 足田 貴俊 | 神経科学／精神医学

マウスを用いた高次脳機能の神経回路機構と精神疾患に関わる分子機構の解明

神経回路活動制御法や神経活動の可視化により、認知学習行動や意思決定行動といった高次脳機能の神経基盤の解明に取り組んでいます。また、精神神経疾患モデルマウスを用いた遺伝-環境相互作用の分子機構の解明に取り組んでいます。加えて、臨床部門や製薬企業との連携による精神疾患の創薬を目指すトランスレーショナルリサーチを進めています。



蛋白質有機化学研究室 北條 裕信 | 有機合成化学

蛋白質の化学合成と翻訳後修飾の機能解明

化学的にアミノ酸をつないで、非天然アミノ酸や翻訳後修飾を任意の位置に持つ蛋白質を自在に合成する方法を確立しています。そして、化学合成蛋白質を利用して生体内でおこる種々の蛋白質修飾の機能に迫るとともに、新しい蛋白質のデザインや新しい医薬品の開発を目指して研究を進めています。



分子創製学研究室 高木 淳一 | 構造生物学／蛋白質工学

兼任：蛋白質最先端構造解析センター

シグナル伝達機構の構造基盤解明とそれを活かした蛋白質創薬

生体膜近傍での生物学的現象を対象に、クライオ電子顕微鏡やX線結晶構造解析などの構造生物学手法を駆使し、「構造からシグナル伝達を理解する」研究を行っています。そして、独自の蛋白質生産技術によって高品質の組み換え蛋白質生産を実現し、これらを組み合わせて新しいタイプのバイオ医薬(ネオバイオロジクス)の創製に取り組んでいます。



分子発生学研究室 古川 貴久 | 神経発生学／視覚科学

兼任：蛋白質最先端構造解析センター

中枢神経系の成り立ちを遺伝子からヒト疾患まで統合的に解明する

網膜視覚系を主なモデルシステムとして、ゲノムに刻まれた遺伝情報が、どのように多様な神経細胞の発生、正確な神経回路の形成、そして個体の神経生理機能やヒト疾患の発症につながるかを、分子生物学的手法や生理学的手法など幅広い方法論を駆使して解明しています。



ゲノム-染色体機能研究室 篠原 彰 | 分子生物学

兼任：蛋白質最先端構造解析センター

ヒトなどのゲノム情報を安定に維持する仕組みの解明を目指す

DNA交換である相同組換えの分子機構を、特に組換えに関わる蛋白質複合体の動的変化という視点で、分子生物学的・生化学的・構造学的解析を用い解明する、ゲノムの安定化のメカニズムや、その破綻によって生じるゲノム不安定化による細胞のガン化、卵子や精子などでの異数体形成による流産といった病態を理解する研究に取り組んでいます。



スピン構造生物学研究室 宮ノ入 洋平 | 構造生物学／蛋白質化学

兼任：蛋白質最先端構造解析センター

新しい溶液 NMR 法を開発し、蛋白質の動的構造を解明する

独自のアミノ酸標識技術と核磁気共鳴(NMR)法を駆使して、蛋白質の立体構造と運動性を原子分解能で解析し、分子モーターの回転制御やアミロイド線維の形成を中心とした生命現象を明らかにします。また、細胞内NMR測定技術を応用した創薬研究、共同利用・共同研究を通じたNMR測定技術の開発も進めています。



オルガネラバイオロジー研究室 中井 正人 | 植物分子／細胞生物学

葉緑体における蛋白質輸送と葉緑体バイオジェネシスの分子メカニズムの解析

葉緑体蛋白質が、葉緑体の外で合成されてから葉緑体へ正確に運ばれていく過程、そして運ばれた蛋白質が機能分子へと変換される過程について、藻類から高等植物に至るまで多種多様な生物を材料に、ゲノム情報による配列比較だけでなく、生化学的手法を用いて解明することで、葉緑体の機能発現および進化に迫ります。



蛋白質デザイン研究室 古賀 信康 | 生命分子設計学

新規蛋白質のデザインと、デザインを通じた蛋白質構造形成と機能発現の仕組みの理解

蛋白質のアミノ酸配列空間は広大で、自然が見出した蛋白質は広大なアミノ酸配列空間のほんの一部にすぎません。私達は計算機を用いて蛋白質をデザインする手法の開発を行い、この広大な配列空間の中から新規蛋白質を創り出すことを行っています。また新規蛋白質をデザインすることを通して、蛋白質がどのようにして特定の立体構造を形成するのかや、蛋白質が形成した立体構造をもとにどのような仕組みで機能を発現しているのかに迫ります。



計算生物学研究室 水口 賢司 | 計算生物学

兼任：蛋白質最先端構造解析センター

計算科学的手法を用いて生命現象や疾患の解明から創薬応用まで挑む

分子レベルと高次の生命現象をつなげるための基盤となる幅広いデータの統合やデータベース開発を行いながら、蛋白質の構造、機能、相互作用などを予測する手法の開発を行っています。また、これらのデータベースや解析ツールを用いて、具体的な生命科学データ解析や健康・創薬研究への応用も推進しています。



膜システム生物学研究室 西村 多喜 | 蛋白質工学／細胞生物学

高機能な人工蛋白質を創り出し、生体内に存在する膜システムを理解する

細胞やオルガネラを形作る生体膜は、その構造や物性が栄養条件やストレス負荷によってダイナミックに変化します。私たちは、独自のスクリーニング技術と機械学習を駆使して、生体膜の微小な変化を感知する人工蛋白質を開発しています。この革新的なツールを用いることで、生体膜の変化が生じる分子メカニズムを理解し、生理的な意義を明らかにするとともに、新たな創薬シーズを生み出すことを目指しています。



細胞システム研究室 岡田 真里子 | システム生物学

生命の基本単位、細胞を多様な分子の動的なシステムとして理解する

実験と数理モデルを用いて、細胞内情報の解析手法を開発し、それらを用いて遺伝子ネットワークの制御機構や規則性を明らかにし、細胞制御や疾患解明に活かすことを目指しています。また、自然言語処理や深層学習などを取り込んだ最新の細胞モデリング法や薬剤の自動設計にも取り組んでいます。



蛋白質物理生物学研究室 鈴木 団 | 生物物理学

熱流を視覚化し、操る——生体システムにおける熱の理解

細胞は熱に敏感に反応します。その仕組みは、蛋白質のどのような応答でしょうか。また細胞は自ら熱を放出しています。その熱も、細胞機能に重要な役割を果たすでしょうか。私たちは細胞内の熱の流れを視覚化し、操作するために、定量イメージングや光熱変換などの物理化学的概念を組み合わせた技術を開発しています。そして生体システムにおける空間スケールと複雑さを超える、熱流の役割の理解を目指しています。



細胞機能デザイン研究室 戸田 聡 | 合成生物学

細胞のふるまいをデザインして、生命システムを理解する

細胞は互いのふるまいを制御し合うことで、複雑な組織構造を作り出し、傷ついても再生するなど生命特有の機能を生み出します。私たちは細胞のふるまいをデザインする技術を開発して、細胞が多細胞構造を形成・維持する仕組みを調べています。さらに、その技術を応用して、生体内で薬として機能する細胞医薬を開発しています。



生体分子動態モデリング研究室 Sandhya Tiwari | 計算生物学

分子シミュレーションで蛋白質の柔らかな動きを調べ、それらの機能を理解する

蛋白質の動的機能と、それらが生み出す生物学的機能の理解を目指しています。蛋白質立体構造の形状や大きさの異なる蛋白質ファミリーの機能的な動きを調べ、さらにはこれら蛋白質の機能予測や、細胞内での活動を制御するための改変指針を与えることに取り組んでいます。

大型機器の共同利用

1958年の創設以来、全国から多くの研究者が蛋白研を訪れ、研究所の施設・装置や研究のノウハウを共用して研究を行うことができる全国共同利用研究所として活動してきました。2010年4月からは蛋白質研究共同利用・共同研究拠点として、SPring-8の放射光ビームライン利用、超高磁場核磁気共鳴(NMR)装置群の利用、蛋白質構造データベースの構築と公開など、蛋白質研究のコミュニティにいつそ貢献できる体制と仕組みを作っています。2022年4月に拠点活動の2度目の継続が認められ、粉末試料に含まれる極微結晶を電子顕微鏡で解析するMicroEDの共同利用・共同研究を開始するなど、マルチスケール構造生命科学の世界拠点を目指した新たな活動を始めています。

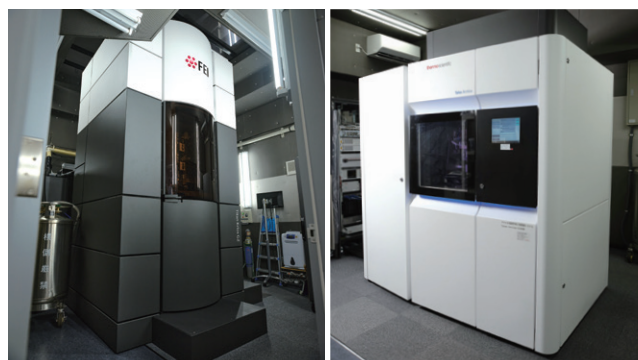
NMR(核磁気共鳴装置)

蛋白研では、世界最高峰のNMR装置群を用いて、蛋白質の立体構造解析法の開発を進めています。NMR装置群の維持・高度化を通じて従来の手法では解析が困難な微量蛋白質や高分子量蛋白質複合体についても、高感度かつ高精度な構造生物学研究を進めています。



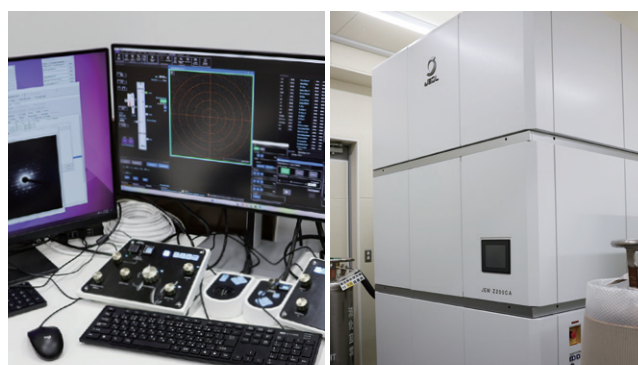
クライオ電子顕微鏡

クライオ電子顕微鏡(ガラスのように透明な氷に試料を凍結して-190度近くに冷却しながら観察する電子顕微鏡)が近年、飛躍的な発展をとげ、結晶化していない生体分子でも原子レベルの構造解析が可能になりました。本施設は日本のクライオ電子顕微鏡施設の拠点として、試料調製法の検討から、データ取得、3次元画像解析、原子モデル構築まで、世界最先端の研究を推進し、産学への幅広い研究・技術支援に貢献しています。



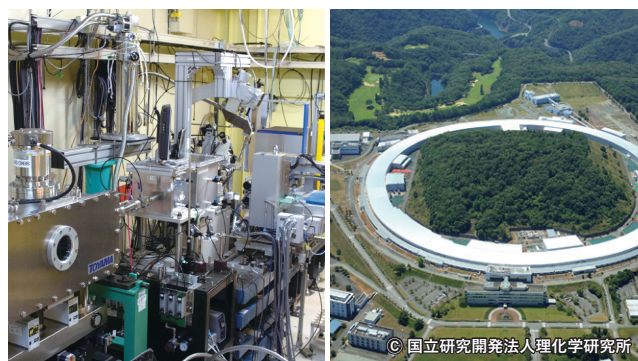
MicroED用電子顕微鏡 (多目的開発電子顕微鏡)

MicroED(Microcrystal Electron Diffraction: 回転法による電子回折)法は、電子顕微鏡を利用して粉末中に存在する1μm未満の超微結晶から回折データを収集する方法です。X線回折法では粉末回折像しか得られないような微結晶試料からも単結晶回折パターンが得られ、複雑な天然物や合成有機分子の骨格などを構造決定できます。本装置では、自動運転による大量データ収集のシステムを構築済みで、結晶多形がある試料・良結晶の割合が少ない試料の解析も可能です。



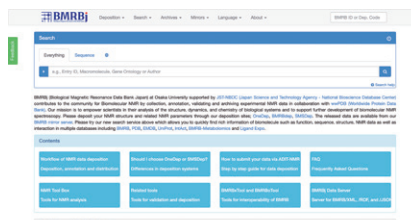
生体超分子複合体 構造解析ビームライン

兵庫県西播磨にあるSPring-8(大型放射光施設)は、高いエネルギーに加速した電子の軌道を曲げた時に出てくる放射光と呼ばれる非常に明るく平行性の高いX線を生み出すことができる世界最大の放射光施設です。蛋白研はこのSPring-8に、巨大な蛋白質複合体結晶の回折強度データを精度良くしかも効率的に測定するための装置(生体超分子複合体構造解析ビームライン: BL44XU)を設置しています。このビームラインは、国内外の多くの研究者に利用され、最先端の研究が進められています。



蛋白質構造データベースの開発・運営

データベース事業では、蛋白質構造データバンク(PDB)の世界拠点の一つとしてPDBjを運営し、アジア・オセアニア地区のデータ登録や種々のサービスを行うとともに、PDBjのNMR部門(BMRBj)が生体系NMRデータバンクを米国BMRBと共同で運営しています。



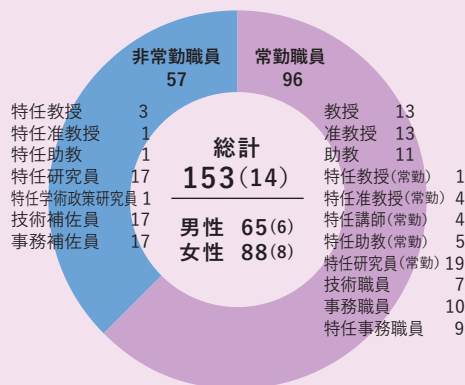
国際学術交流

※2026.05時点

Country	Institution	Year of agreement
South Korea	The GADD Center of Ewha Womans university	2026
Malaysia	Universiti Putra Malaysia	2026
South Korea	Korea Basic Science Institute (Ochang Institute of Biological and Environmental Science)	2025
South Korea	Korea Institute of Science and Technology Information (Division of National Supercomputing)	2025
China	Westlake University (School of Life Sciences/ Human Proteome Project 2.0-PDPM)	2022
Uruguay	University of the Republic (Faculty of Chemistry)	2022
Indonesia	Universitas Airlangga (Research center for Bio-molecule Engineering)	2020
Australia	The Australian National University (Research School of Chemistry/ College of Science)	2020
Italy	Fondazione Istituto Italiano di Tecnologia	2018
India	Panjab University	2017
India	Indian Institute of Science Education and Research Thiruvananthapuram	2017
USA	University of Chicago (The Ben May Department for Cancer Research)	2017
Ireland	University College Dublin (System Biology Ireland)	2017
Germany	Ruhr University Bochum (Faculty of Biology and Biotechnology)	2017
South Korea	Seoul National University (College of Pharmacy)	2015
Taiwan	National Tsing Hua University (College of Life Science)	2015
USA	Rutgers, The State University of New Jersey (Institute for Quantitative Biomedicine)	2015
China	Peking University (Center of Protein Science)	2014
India	Indian Institute of Chemical Biology	2009
Taiwan	National Synchrotron Radiation Research Center	2007
Cuba	Center for Genetic Engineering and Biotechnology	2003

構成員

教職員

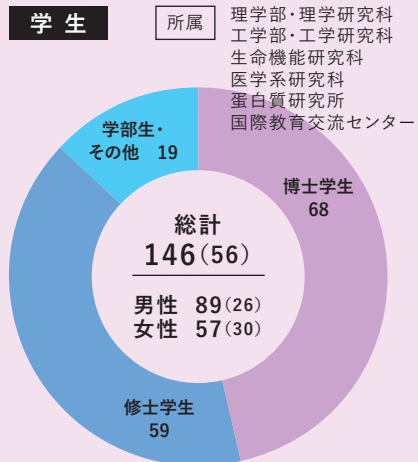


*()内の数値は外国人で内数

海外内訳(人数):

シンガポール(1) タイ(3) 台湾(1) 中国(6)
イタリア(1) ケニア(1) ドイツ(1)

学生



*()内の数値は留学生で内数

海外内訳(人数):

中国(26) 米国(6) 韓国(5) ドイツ(4) ナイジェリア(2)
タイ(2) カナダ(1) キューバ(1) フランス(1)
グアテマラ(1) フィリピン(1) インドネシア(1) インド(1)
スリランカ(1) 台湾(1) タンザニア(1) 英国(1)

History 沿革

1958

(昭和33年)

全国共同利用
「たんぱく質
研究所」設置

赤堀 四郎 初代所長 研究所創設時の建物

1972

(昭和47年)

日本初の蛋白質
結晶構造
(カツオ・チトクロムc)
の決定カツオチトクロムCの立体構造
(2020年化学遺産に登録)

1998

(平成10年)

生体分子解析
研究センター設置

2002

(平成14年)

プロテオミクス
総合研究センター設置

2010

(平成22年)

蛋白質研究
共同利用・
共同研究拠点に
認定

2020

(令和2年)

蛋白質の3次構造モデルが化学遺産に認定



蛋白質次世代構造解析センター設置

1956

(昭和31年)

理学部に
「たんぱく質
研究施設」設置

旧理学部

1962

(昭和37年)

ペプチドセンター設置

1978

(昭和53年)

結晶解析研究センター
設置

1988

(昭和63年)

蛋白質工学基礎
研究センター設置

2000

(平成12年)

日本蛋白質デー
タバンク(PDBj)発足

2004

(平成16年)

国立大学法人 大阪大学附置
蛋白質研究所
全国共同利用に移行

2012

(平成24年)

蛋白質解析先端研究
センター設置

2016

(平成28年)

蛋白質研究共同利用・
共同研究拠点の継続認定

2022

(令和4年)

蛋白質研究共同利用・
共同研究拠点の継続認定蛋白質先端データ科学
研究センター(ASPIRE) 設置

2026

(令和8年)

蛋白質統合科学研究部門
として再編附属蛋白質先端データ科学
研究センター設置

所長戦略室設置

Website

(日本語)



X (Twitter)



大阪大学蛋白質研究所
公式キャラクター

「たんぱくん &
きみちゃん」

たんぱくん きみちゃん

たんぱくん きみちゃん
公式アカウント

X (Twitter)
たんぱくん
公式アカウント

X (Twitter)
きみちゃん
公式アカウント



INSTITUTE for PROTEIN RESEARCH
大阪大学 蛋白質研究所

〒565-0871 大阪府吹田市山田丘3番2号

TEL: 06-6879-8594 (庶務係)

www.protein.osaka-u.ac.jp