



教授 藤原 敏道 (Toshimichi FUJIWARA)
 准教授 松木 陽 (Yoh MATSUKI)
 准教授兼任 宮ノ入 洋平 (Yohei MIYANOIRI)

tjwjr@protein.osaka-u.ac.jp
 yoh@protein.osaka-u.ac.jp
 y-miyanoiri@protein.osaka-u.ac.jp

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

私たちの体の中ではさまざまなエネルギー変換や情報変換が生体膜を介して行われている。これら機能を担っている超分子システムは生命活動のネットワークを作る上で重要な役割を果たしている。現在、これらの働きを持つ分子の構造が徐々に明らかになっている。私たちは、主に核磁気共鳴法(NMR)を用いて、情報変換やエネルギー変換をつかさどる蛋白質の働きを、立体構造に基づいて明らかにすることをめざして研究している。

固体NMR法による蛋白質の構造、機能解析

固体NMRでは、X線回折など他の方法による解析がむずかしいが、生体での情報の変換において重要な分子複合系の構造と機能の研究に取り組んでいる。具体的には、脂質二重膜に強く結合している蛋白質や非結晶状態の大きな分子複合体などで、これには、光情報伝達する膜蛋白質pHtrII、G蛋白質とそのレセプターの複合体、アミロイド蛋白質などが含まれる。さらに、細胞内での位置特異的な蛋白質の構造解析、相互作用解析にも取り組んでいる。また、生物学と同様にNMR実験法や解析法も大きく進んでいる。固体NMR法の特徴を利用して対象からより詳しい情報を搾り取るために、実験法やデータ解析法も開発しながら研究を進めている。

溶液NMR法による蛋白質の構造、機能解析

NMRは、蛋白質が機能する溶液状態でその立体構造やダイナミクスを原子レベルで解析することができる、非常に

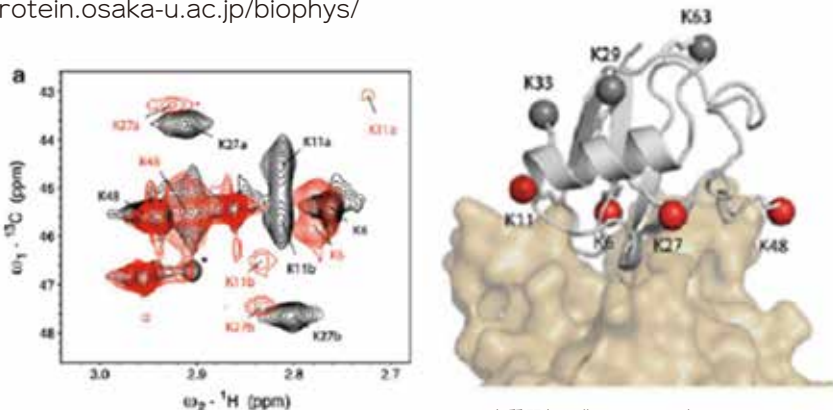


図1 蛋白質間相互作用を示す2次元NMRスペクトルと明らかになった蛋白質ユビキチンとYUHの相互作用

有用な手段である。本研究室では、おもに蛋白質の立体構造をNMRによって解析している。さらに、立体構造が既知のでもその蛋白質が他の蛋白質あるいはリガンドとどのように相互作用して機能が制御されているか高い構造分解能で解析している。さらに、比較的遅い運動であるマイクロ秒、ミリ秒程度のダイナミクスを解析することによって、活性との相関を議論している。これらの解析に必要な方法論はまだ発展途上にあるため、その方法論の開発も同時に行っている。

研究テーマ

1. 細胞内での蛋白質機能と構造の原子分解能解析
2. アミロイド蛋白質の構造機能解析
3. 生体膜を介しての情報変換に関する蛋白質の構造と機能解析
4. 選択的安定同位体標識法に基づくNMR蛋白質構造解析法の開発
5. 常磁性プローブ分子を利用した蛋白質の構造や構造変化の解析
6. バイオインフォマティクスを利用したNMR立体構造解析法の開発
7. テラヘルツ波を利用した超高感度NMR法の開発と生体系への応用



図2 超高感度DNP-NMR装置。極低温でNMRを観測する超伝導マグネット(左)とテラヘルツ波光源であるジャイロトロン(右)

この研究室は2023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:06-6879-8598
 FAX:06-6879-8599



研究室のHPはこちら