

(別紙) 構造解析を行ったタンパク質について

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
Hypothetical protein (PH1136)	11XL	Released	2003/9/9	PH1136はアミノ酸配列相同性による分類から、機能未知で疎水的な物質との結合が示唆されるクラスタに分類される。このクラスタに属する蛋白質の初めての立体構造解析である。立体構造はホットドッグフォールドと呼ばれる構造であった。ホットドッグフォールドを有する蛋白質の多くが疎水的な物質を基質としていることからPH1136に関しても疎水性の基質を認識する酵素であると推測された。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Proliferation-nucleolar protein p120	11XK	Released	2003/9/9	ヒトp120蛋白質は多くの組織における悪性腫瘍の核内増殖抗原である。本蛋白質はヒトp120のメチル基転移ドメインと高い相同性を有する蛋白質である。この蛋白質は既存のSAM依存型メチル基転移酵素フォールドと、新規な構造を有する2つの異なるドメインから構成されていた。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Hypothetical protein (PH0642)	1J31	Released	2004/3/9	アミノ酸配列は真正細菌、古細菌に広く保存されているがこれまでに機能が同定されていない、機能未知蛋白質である。このファミリーにおける構造としては初の解析例である。得られた構造からニトリラーゼとの構造の相同性が確認されたが、活性部位の詳細な比較によってニトリラーゼとは基質特異性が異なることが示唆された。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
マクロフォミン酸合成酵素	11ZC	Released	2003/4/1	ディールス・アルダー反応は、有機合成化学上極めて重要な反応の一つであり、制癌剤や抗生物質、免疫抑制剤など、芳香族化合物の合成現場で盛んに使用されている。この反応を触媒する酵素の存在は、数十年前より予測されていたが、触媒反応を説明することは容易ではなかったため、酵素の存在を証明した例は無かった。マクロフォミン酸合成酵素の構造解析により、ディールス・アルダー反応が組み込まれた酵素反応が具体的に説明された。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
ACCデアミネース変異体(K51T)	1J0C	Released	2003/5/12	ACCデアミネースは植物ホルモンエチレンの前駆体である環状アミノ酸ACCを脱アミノ化し、 α -ケト酪酸とアンモニアに分解する酵素で、ピリドキサル5'リン酸(PLP)を補酵素とするPLP酵素の一つである。今回、我々はACCデアミネースとその変異体及びACCデアミネース変異体-基質の複合体、さらに、ACCデアミネースホモログタンパク質及びホモログタンパク質と基質の複合体などの立体構造を解析し、ACCデアミネース反応機構を解明した。また本酵素は植物ホルモンの生合成を制御することができるため、構造情報は農業利用の際に有力な情報となる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
ACCデアミネース変異体-基質複合体(K51T +ACC)	1J0D	Released	2003/5/12			
ACCデアミネース変異体-基質複合体(Y295F +ACC)	1J0E	Released	2003/5/12			
ACCデアミネースホモログタンパク質	1J0A	Released	2003/5/12			
ACCデアミネースホモログタンパク質-基質複合体	1J0B	Released	2003/5/12			
イソクエン酸脱水素酵素 - NADP+複合体	1J1W	Released	2003/9/23	イソクエン酸脱水素酵素(IDH)は、クエン酸回路においてイソクエン酸から α -ケトグルタル酸へと進む酸化的脱炭酸化反応を触媒する酵素である。原核生物由来IDHの多くは二量体型である一方で、数種の細菌からは単量体型のIDHが発見されている。今回、解析した単量体型IDHの構造は、原核生物において、ドメイン融合による二量体から単量体への分子進化の初めての例であった。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
リボソーム蛋白質L13	1J3A	Released	2003/2/4	リボソームの大サブユニットを構成するリボソーム蛋白質L13はリボソームの進化の過程において機能的、構造的に重要なRNA部分に結合することにより保存されてきた起源の古いRNA結合蛋白質である。今回にL13の構造を明らかにして、蛋白質の進化について、あるいは、リボソームの機能との関わりについて重要な知見を得た。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
MarR homologue protein	1UB9	Released	2004/5/4	MarR(Multiple antibiotic resistance regulator)は、大腸菌、赤痢菌、サルモネラ菌、緑膿菌などにおいて抗生物質、有機溶媒、殺菌剤などに対する多剤耐性を調節している転写調節因子である。今回得られたMarRホモログの立体構造は薬物非結合型であり、既に得られている大腸菌の薬物結合型と比べることで、このファミリーの薬物結合による構造変化に対して重要な知見を与えた。さらにMarRは、植物に感染する病原菌の病原因子の合成も制御している。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
TetR-family protein	1V7B	Released	2005/1/18	抗生物質耐性に関与する遺伝子群の調節を行うTetRファミリーに属すると考えられるタンパク質であるが、構造解析の結果、院内感染の原因ともなっているバクテリアのMDR (Multi Drug Resistance)をコントロールする転写因子群の一員であるQacRと高い構造相同性を示した。転写因子が多種薬剤と結合するメカニズムの解明および抗MDR剤の開発につながる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
ArsR homologue protein	1ULY	Released	2004/10/19	ヒ素排出系に関わるオペロンの発現調節を行うE.coli由来ArsRのホモログとして構造解析を行ったところ、これまでに知られている他のホモログタンパク質とは異なったトポロジーを持つ事が明らかとなった。SELEX法による結合DNA配列同定実験を行い、転写因子-DNA複合体の結晶化・構造解析を含めた更なる機能解析へと展開する。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
TenA homologue protein	1UDD	Released	2004/6/1	TenAは枯草菌の細胞外分泌タンパク質の発現量を大幅に上昇させるアクティベーターである。TenAによる転写活性化メカニズムの解明のための解析であるが、興味深いことに配列相同性のないH Oと相同な構造をしていることが判明した。分子に結合している未知の分子の解析ができればこの分子の真の機能を解明できよう。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Ala-tRNA synthetase editing domain	1V70	Released	2004/1/13	AlaXはセリンあるいはグリシンが誤って付加されたtRNA(Ala)を特異的に認識、加水分解する酵素である。このようなアミノアシルtRNAの校正機構は、たんぱく質合成の正確性を保つうえで、あらゆる生物にとって非常に重要である。今回得られたAlaX-セリン複合体構造より、20年以上謎であったアラニンとセリン、グリシンの識別機構が解明された。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Ala-tRNA synthetase editing domain Ser-Zn ²⁺ 複合体	1WNU	Released	2005/7/26			
Ala-tRNA synthetase editing domain Zn ²⁺ 複合体	1WX0	Released	2005/7/26			
Sugar-binding transport	1V43	Released	2004/11/16	細胞膜間において物質の能動・受動輸送を担っているABCトランスポーターはATPフリー、ATP結合、ADP結合の三種の構造変化により物質輸送を行う。今回得られたSugar-binding transportの2量体はこれまで得られているABCトランスポータのATPaseサブユニット2量体構造とは異なっており、構造変化の新たな知見を与える。ABCトランスポーターは薬物排出、浸透圧調節や抗原プロセッシングにおいても深く関わることから、このタンパク質の立体構造情報から阻害化合物の設計などを通じて創薬が期待できる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Sugar-binding transport+ATP	1VCI	Released	2004/12/14			
ATP synthase subunit A	1VDZ	Released	2005/6/21	生物に必須のATP合成酵素の中でも、古細菌の酵素は既知酵素と異なる一群であり、詳細な反応機構や立体構造は未だ不明である。触媒サブユニット(subunit A)の構造解析により、既知構造にはない新規ドメインを発見した。本酵素群の分子進化解明につながる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
RtcB homologue protein	1UC2	Released	2004/5/4	真正細菌、古細菌、単細胞真核生物に広く存在している翻訳後のタンパク質self-splicingの知見を得るために、“エクステイン”タンパク質の構造を解析した。得られた構造は全く新規のfoldタンパク質であった。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Xenopus MIF	1UIZ	Released	2004/5/25	Xenopus胚由来のMIF構造解析により、生体内に炎症・免疫応答に関与するサイトカインMIFは発生や分化などの調節にも関与していることが示唆された。MIFの、keto-enol異性化反応の触媒活性と酸化還元酵素活性の反応部位を改変し、活性の強度や基質の特異性を変化させることにより、免疫や発生、分化などに関する生体内機能を調節することができる。また、MIFに対する阻害剤を設計することによって炎症・免疫疾患の治療に役立てるなど、タンパク質立体構造に基づいた創薬技術により、医薬産業に対して大きな貢献度を有している。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
PH0828	1V30	Released	2004/11/9	PH0828はバクテリア、古細菌と真核生物に幅広く保存されており、生物学的に重要な機能を持つことが予想されるファミリーに属している。解析の結果、全く新規な構造を有していることが判明したことから、このファミリーは未知の生物学的機能を持つ可能性が大きい。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
5'-methylthioadenosine phosphorylase homologue (MTAP)	1V4N	Released	2004/6/4	MTAPはポリアミンからアデニンを生合成する際にメチルチオアデノシンを分解してアデニンを合成する反応を触媒し、3量体型と6量体型が存在している。このたび構造解析した蛋白質は3量体型に属するものである。ヒト腫瘍組織ではこの3量体型MTAPが欠損しており、3量体型MTAPによるアデニンのサルベージが重要であるとともに3量体型MTAPの分子機構を理解することは新規治療法の開発の道を開くものである。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
3-isopropylmalate dehydratase small subunit (IPMI)	1V7L	Released	2004/11/16	微生物や植物におけるアミノ酸ロイシンの生合成反応に関与するIPMI(大, 小の2つのsubunits)の詳細な反応機構解明するための構造解析。解析の結果, C末端のシステインが結晶学的な2回軸で関係付けられた2分子間でS-S結合を形成し, 安定な結晶構造を形成していることが分かった。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Hemoglobini from river lamprey	1UC3	Released	2003/4/29	最も原始的な脊椎動物の一種であるヤツメウナギのヘモグロビンは他の脊椎動物のヘモグロビンと異なるモノマーあるいはダイマーとして存在しており, 数種のアイソフォームが異なる比率で存在していることなどいくつかの独自の特徴を持っている。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
MC1-5 Ump complex	1UCD	Released	2004/5/18	ニガウリ種子由来のリボヌクレアーゼMC1は植物をウイルス等外来の遺伝子の感染より守る生体防御因子であることが報告されている。MC1の非自己由来RNAを認識し分解するメカニズムを解明するためMC1と基質類似体複合体を構造解析した。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
MC1-3 Ump complex	1UCC	Released	2003/4/29	他のリボヌクレアーゼには見られない絶対的なウラシル特異性を解明するため, MC1と基質類似体3'UMPとの複合体構造を解析し, MC1のウラシル認識機構が明らかになった。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
MC1-2 Ump complex	1UCA	Released	2003/4/29	MC1と基質類似体2'UMPとの複合体構造解析により, 機能する必要なアミノ酸残基が特定できた。植物がウイルスに感染した場合に, 本酵素を応用することで, それを植物体内から駆除することが可能になると思われる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
MC1 N71T mutant	1UCG	Released	2003/4/29	上記の三つのMC1の変異体から得られた情報により, MC1のウラシル認識に最も重要な残基を特定した, そして, そのアミノ酸残基の変異体の構造解析を行った結果, 変異したMC1は基質特異性が変化し, 本来の基質ではないグアニン塩基を認識することが分かった。これらのMC1の機能を利用して, 植物体内から感染したウイルスを駆除することが可能になる		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
-xylosidase	1WE5	Released	2005/2/15	糖質関連酵素の基質である糖質の構造は非常に多様性に富んでいる。そのため, これらの酵素の構造生物学的研究を行うことは, 極めて応用価値が高い。大腸菌由来 -xylosidaseは糖質から -xyloseを遊離する反応を触媒する糖加水分解酵素であり, また一次配列を基に分類された糖加水分解酵素群(GHファミリー)では立体構造未知のファミリーに属する。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
L-asparaginase type I	1WLS	Released	2005/3/15	大腸菌のアスパラギナーゼは, 細胞質に存在するType I, およびペリプラズムに存在するType IIの二種が知られており, 特にType IIに関しては小児リンパ性白血病に対する抗癌作用が発見される。古細菌 <i>P. horikoshii</i> に存在するアスパラギナーゼは, Type IIに分類される。Type IIはType Iに比べ基質特異性が低く, また立体構造もいまだ解析されていない。本構造解析により, アスパラギナーゼの構造機能相関の解明が期待される。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
PH0010 (ヒトAMMCR1 C末領域相同タンパク質)	1VAJ	Released	2005/1/25	AMME は遺伝子のXq22.3-q23領域で欠損が起こることによる隣接遺伝子欠損症候群と呼ばれる循環器症候群である。この症候群で欠損する遺伝子の一つである <i>AMMCR1</i> のコードするタンパク質AMMCR1のC末領域(122から333)は, 生物種間で高度に保存されている。PH0010はこのヒト由来AMMCR1のC末領域と高い同源性があり, 構造解析の結果, 新規構造モチーフをとっていることが確認された。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
RmIC from <i>Sulfolobus tokodaii</i>	1WLT	Released	2005/7/26	RmICはdTDP-L-rhamnose生合成経路においてdTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimeraseとして働く酵素である。dTDP-L-rhamnoseは病原性バクテリアの細胞壁を構成する要素であり、一部の病原性バクテリアではdTDP-L-rhamnose生合成経路に関連する遺伝子を破壊すると生育能を失うことが知られている。RmICは抗菌剤開発の創薬ターゲットであり、その立体構造解析をもとにした創薬の開発が期待できる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
2'-5' RNA ligase	1VGJ	Released	2005/6/7	バクテリアと古細菌に特有の2'-5' RNA ligaseは、真核細胞におけるtRNA前駆体のスプライシングの第2段階の反応である3' と5' ホスホジエステルを連結するRNA ligaseと異なって、tRNAの2' と5' ホスホジエステルの結合を触媒する酵素である。tRNAのスプライシング反応において多くの謎につつまれたタンパク質である2'-5' RNA ligaseの立体構造解析に成功したことで、今後、機能解明が進むものと思われる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Phosphomannomutase/ Phosphoglucomutase	1WQA	Released	2005/10/4	好熱菌内で浸透圧調節に関わっている蛋白質PH0923は、糖リン酸基転移酵素として細菌類に幅広く保存されているphosphomannomutase/ phosphoglucomutase (PMM/PGM) 活性を持つ酵素である。本酵素の構造と類似する緑膿菌由来PMM/PGMは緑膿菌の病原性獲得に必須の酵素であり、構造を元にした薬剤設計が期待される。また本酵素は60 °Cの条件で活性を有しており、構造情報は産業利用の際に情報資源となる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Mannosyl-3-phosphoglycerate phosphatase+MG-phosphate	1WZC	on hold	2006/2/28	好熱菌特有の浸透圧調節物質mannosylglycerate合成の最終反応を行うmannosyl-3-phosphoglycerate phosphatase PH0926はHAD like hydrolaseの多くは脱リン酸化酵素であり、基質の種類は多岐にわたる。本酵素の基質は糖を含む分子であるため、解析された結晶構造は基質の分子認識に関する有用な情報を与えると考えられる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Histidyl tRNA synthetase(Ta0099)	1WU7	on hold	2005/12/6	Ta0099は古細菌由来histidyl tRNA synthetase (HisRS) である。これまでに報告されている真正細菌由来のHisRSとの比較から、Ta0099はtRNAとの結合に関するインサーションドメインの構造が異なる事が明らかになった。古細菌のHisRSの活性発現機構が真正細菌と異なる可能性を示唆している。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
SAV0287-N-terminal domain	1WV3	on hold	2005/12/20	本蛋白質は院内感染の原因菌であるStaphylococcus aureusの病原因子の一つであり、下痢性疾患との関連性が示唆されているが、詳細な機能は明らかになっていない。N末端ドメインの構造は、細胞分裂関連蛋白質と類似していることが明らかになった。今後、構造情報を基にした機能解析が進行すると期待される。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
RNA methyltransferase (PH1948)	1WY7	on hold	2005/12/13	RNAメチルトランスフェラーゼは生物に幅広く存在している。PH1948はRNAメチルトランスフェラーゼと予測され、立体構造未知のファミリーに属す。得られた構造にSAHが結合していること及びRNA MTases ErmCの立体構造との比較から、PH1948はSAM- dependent RNA Mtaseであることが分かった。今後、機能解析に進む。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
endo-beta-1,4-glucanase CMCax	1WZZ	on hold		細菌が生産するセルロースは、植物由来のセルロースとは異なる様々な特徴を持つことから、新規のセルロース材料として注目されている。今回構造解析したセルラーゼCMCaxはセルロース生産菌由来であり、セルロース合成に深く関わる重要なタンパク質である。本構造解析の成功は、セルロースの生合成のメカニズムを解明する道を開くものである。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
転写因子HNF-6a-DNA複合体	2D5V	on hold		HNF-6は肝臓特異的転写因子であり、肝細胞の発生や分化、増殖などの調節のほか、代謝に関連する多様な遺伝子の転写調節機能を有する。このことから、当該構造を基盤とした阻害剤設計により、糖尿病をはじめ多様な糖関連疾患の創薬への応用が期待される。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Staphylococcus aureus由来Dps	2D5K	on hold		Dpsは酸化ストレスからDNAを保護する、ストレス応答蛋白質であるが、一方で、Feの貯蔵にも関与するという2つの特性をもつ多機能蛋白質である。Feの獲得は病原菌が生育する上で重要なイベントであり、その機構解明は抗病原菌薬の創製において非常に重要となる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
Oligopeptide-binding protein	2D5W	on hold		真正細菌由来のOligopeptide-binding protein (TTHA1634) は細菌のペプチド輸送系において、基質をABCトランスポーターに受け渡すinitial receptorである。今回、構造解析の結果から、5残基からなるペプチドと結合していることが判明し、基質配列に依存しない結合様式に関する新たな知見が得られた。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
alpha-glucosidase	2D73	on hold		糖加水分解酵素の分類法GHファミリーでは、同じファミリーに属する酵素の立体構造、触媒反応機構が保存されていることが知られている。GH97はこれまでに酵素化学的な性質および構造に関して報告されていない未知のファミリーである。そこで、GH97に分類されるalpha-glucosidaseの立体構造解析を行うことで、触媒反応、基質認識機構を明らかにし、さらにGH97の共通する性質について考察できるものと考えられる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
翻訳開始因子aIF2 -aIF2 複合体	2D74	on hold		真核生物・古細菌の翻訳開始反応は様々な環境変化、発生過程等において厳密にコントロールされており、近年、神経疾患や記憶など組織特異的な現象との深い関連性も指摘されている。今回、翻訳開始反応において中心的な役割を果たす開始因子a/eIF2 複合体の構造解析を行い、サブユニットがGTP結合部位近傍に結合し、両サブユニットの可動性が機能に大きく関与していることを見出した。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
GatCAB複合体	2F2A	on hold		バクテリアにおいて、GatCABは誤って合成したGlu-tRNA ^{Gln} をGln-tRNA ^{Gln} に変換する。我々は多剤耐性黄色ブドウ球菌(MRSA)由来GatCABの結晶構造を決定し、GatCABの反応機構を解明した。GatCABはバクテリアでは必須酵素であるが、ヒトを含む真核生物では利用されていないので、本構造を元にGatCABに対する阻害剤を設計することにより、広範囲の病原菌に対する有効な抗生物質になると期待される。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
Sc21222411	2D6Y	on hold		Sc21222411は抗生物質耐性に関与するTetRファミリーに属するタンパク質である。構造解析の結果、二量体で存在し、DNA結合領域と転写制御領域から構成されていることが明らかとなった。さらに基質結合ポケットを有することから、二次代謝産物の産出を制御していると推定された。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
PHS023	2CVI	on hold		機能未知ではあるが、一次配列から転写制御関連因子と推定されるタンパク質。類縁タンパク質の研究から、低分子リガンドにより多量体構造が変化することが明らかになりつつあり、その制御機構は興味深い。好熱菌由来であることから安定性の高く、多量体形成制御機構を利用したセンサーなどへの応用が期待できる。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
PH1109	2CZZ	on hold		PH1109は古細菌、真核生物に渡って保存されているにも関わらず機能未知であった。今回、構造解析の結果、発現ホストである大腸菌由来の補酵素A(CoA)と結合していることが明らかとなった。補酵素Aは生体内の様々な経路に使われているため、補酵素A結合タンパク質であるPH1109は生命活動において重要な働きを担っているものと予想される。		北海道大学大学院理学研究科 (田中勲)
paralytic peptide	1V28	Released	2004.10.26	(1)昆虫の変態をコントロールする麻痺性ペプチドの新種。 (2)成長因子やサイトカイン機能との関連性が高い。 (3)低分子量タンパク質であり酵母での遺伝子発現系構築の可能性あり(類縁生物由来の同様ペプチドで成功) (4)ジスルフィド結合を1つもつ逆平行 シートのターン構造中に特徴的な芳香環をもつこと。 (5)有用タンパク質産生系としての昆虫テクノロジー産業化へ貢献の可能性ありさらに、タンパク質全般のNMR立体構造解析に拡張可能な新規精密解析法の支援技術開発に最適な検証用モデルペプチドのひとつである。		北海道大学大学院理学研究科 (出村誠)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
FMBP1(R1)	1VD7	on hold		<p>(1)新規転写制御関連タンパク質(カイコ由来)DBDの部分タンデムリピート1</p> <p>(2)日本で最も早く分子遺伝学研究が進んだカイコ絹糸腺細胞の組織特異的・時期特異的発現制御の転写制御因子は解明されていないが、その構造生物学としての解明がすすむ可能性がある重要なタンパク質</p> <p>(3)昆虫のカイコは、微生物宿主にかわる新たな有用タンパク質発現系宿主として注目されている。とくに、カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジープロジェクトとして農水省で実施されている。このような背景のもと、カイコ由来新規転写制御関連タンパク質(FMBP1)の構造・機能解明は昆虫産業への貢献度が極めて高い。</p> <p>(4)機能未解明の新規の配列。DBDとしてタンデムリピート構造をもつ。</p> <p>(5)カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジーで注目されており、FMBP1の構造解明から効率的なタンパク質発現に寄与できる可能性がある。</p>		北海道大学大学院理学研究科 (出村誠)
FMBP1(R2)	1VD8	on hold		<p>(1)新規転写制御関連タンパク質(カイコ由来)DBDの部分タンデムリピート2</p> <p>(2)日本で最も早く分子遺伝学研究が進んだカイコ絹糸腺細胞の組織特異的・時期特異的発現制御の転写制御因子は解明されていないが、その構造生物学としての解明がすすむ可能性がある重要なタンパク質</p> <p>(3)昆虫のカイコは、微生物宿主にかわる新たな有用タンパク質発現系宿主として注目されている。とくに、カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジープロジェクトとして農水省で実施されている。このような背景のもと、カイコ由来新規転写制御関連タンパク質(FMBP1)の構造・機能解明は昆虫産業への貢献度が極めて高い。</p> <p>(4)機能未解明の新規の配列。DBDとしてタンデムリピート構造をもつ。</p> <p>(5)カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジーで注目されており、FMBP1の構造解明から効率的なタンパク質発現に寄与できる可能性がある。</p>		北海道大学大学院理学研究科 (出村誠)
FMBP1(R3)	1VD9	on hold		<p>(1)新規転写制御関連タンパク質(カイコ由来)DBDの部分タンデムリピート3</p> <p>(2)日本で最も早く分子遺伝学研究が進んだカイコ絹糸腺細胞の組織特異的・時期特異的発現制御の転写制御因子は解明されていないが、その構造生物学としての解明がすすむ可能性がある重要なタンパク質</p> <p>(3)昆虫のカイコは、微生物宿主にかわる新たな有用タンパク質発現系宿主として注目されている。とくに、カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジープロジェクトとして農水省で実施されている。このような背景のもと、カイコ由来新規転写制御関連タンパク質(FMBP1)の構造・機能解明は昆虫産業への貢献度が極めて高い。</p> <p>(4)機能未解明の新規の配列。DBDとしてタンデムリピート構造をもつ。</p> <p>(5)カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジーで注目されており、FMBP1の構造解明から効率的なタンパク質発現に寄与できる可能性がある。</p>		北海道大学大学院理学研究科 (出村誠)
FMBP1(R4)	1VDA	on hold		<p>(1)新規転写制御関連タンパク質(カイコ由来)DBDの部分タンデムリピート4</p> <p>(2)日本で最も早く分子遺伝学研究が進んだカイコ絹糸腺細胞の組織特異的・時期特異的発現制御の転写制御因子は解明されていないが、その構造生物学としての解明がすすむ可能性がある重要なタンパク質</p> <p>(3)昆虫のカイコは、微生物宿主にかわる新たな有用タンパク質発現系宿主として注目されている。とくに、カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジープロジェクトとして農水省で実施されている。このような背景のもと、カイコ由来新規転写制御関連タンパク質(FMBP1)の構造・機能解明は昆虫産業への貢献度が極めて高い。</p> <p>(4)機能未解明の新規の配列。DBDとしてタンデムリピート構造をもつ。</p> <p>(5)カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジーで注目されており、FMBP1の構造解明から効率的なタンパク質発現に寄与できる可能性がある。</p>		北海道大学大学院理学研究科 (出村誠)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
FMBP1(R1_2)	1VDB	on hold		<p>(1)新規転写制御関連タンパク質(カイコ由来)DBDの部分タンデムリピート1(有機溶媒系での構造変化説明)</p> <p>(2)日本で最も早く分子遺伝学研究が進んだカイコ絹糸腺細胞の組織特異的・時期特異的発現制御の転写制御因子は解明されていないが、その構造生物学としての説明がすすむ可能性がある重要なタンパク質</p> <p>(3)昆虫のカイコは、微生物宿主にかわる新たな有用タンパク質発現系宿主として注目されている。とくに、カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジープロジェクトとして農水省で実施されている。このような背景のもと、カイコ由来新規転写制御関連タンパク質(FMBP1)の構造・機能説明は昆虫産業への貢献度が極めて高い。</p> <p>(4)機能未説明の新規の配列。DBDとしてタンデムリピート構造をもつ。</p> <p>(5)カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジーで注目されており、FMBP1の構造説明から効率的なタンパク質発現に寄与できる可能性がある。</p>		北海道大学大学院理学研究科 (出村誠)
FMBP1(R2_3)	1WNK	on hold		<p>(1)新規転写制御関連タンパク質(カイコ由来)DBDの部分タンデムリピート3(有機溶媒系での構造変化説明)</p> <p>(2)日本で最も早く分子遺伝学研究が進んだカイコ絹糸腺細胞の組織特異的・時期特異的発現制御の転写制御因子は解明されていないが、その構造生物学としての説明がすすむ可能性がある重要なタンパク質</p> <p>(3)昆虫のカイコは、微生物宿主にかわる新たな有用タンパク質発現系宿主として注目されている。とくに、カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジープロジェクトとして農水省で実施されている。このような背景のもと、カイコ由来新規転写制御関連タンパク質(FMBP1)の構造・機能説明は昆虫産業への貢献度が極めて高い。</p> <p>(4)機能未説明の新規の配列。DBDとしてタンデムリピート構造をもつ。</p> <p>(5)カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジーで注目されており、FMBP1の構造説明から効率的なタンパク質発現に寄与できる可能性がある。</p>		北海道大学大学院理学研究科 (出村誠)
FMBP1(R2_2)	1WNM	on hold		<p>(1)新規転写制御関連タンパク質(カイコ由来)DBDの部分タンデムリピート2(有機溶媒系での構造変化説明)</p> <p>(2)日本で最も早く分子遺伝学研究が進んだカイコ絹糸腺細胞の組織特異的・時期特異的発現制御の転写制御因子は解明されていないが、その構造生物学としての説明がすすむ可能性がある重要なタンパク質</p> <p>(3)昆虫のカイコは、微生物宿主にかわる新たな有用タンパク質発現系宿主として注目されている。とくに、カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジープロジェクトとして農水省で実施されている。このような背景のもと、カイコ由来新規転写制御関連タンパク質(FMBP1)の構造・機能説明は昆虫産業への貢献度が極めて高い。</p> <p>(4)機能未説明の新規の配列。DBDとしてタンデムリピート構造をもつ。</p> <p>(5)カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジーで注目されており、FMBP1の構造説明から効率的なタンパク質発現に寄与できる可能性がある。</p>		北海道大学大学院理学研究科 (出村誠)
FMBP1(R2_4)	1WNN	on hold		<p>(1)新規転写制御関連タンパク質(カイコ由来)DBDの部分タンデムリピート4(有機溶媒系での構造変化説明)</p> <p>(2)日本で最も早く分子遺伝学研究が進んだカイコ絹糸腺細胞の組織特異的・時期特異的発現制御の転写制御因子は解明されていないが、その構造生物学としての説明がすすむ可能性がある重要なタンパク質</p> <p>(3)昆虫のカイコは、微生物宿主にかわる新たな有用タンパク質発現系宿主として注目されている。とくに、カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジープロジェクトとして農水省で実施されている。このような背景のもと、カイコ由来新規転写制御関連タンパク質(FMBP1)の構造・機能説明は昆虫産業への貢献度が極めて高い。</p> <p>(4)機能未説明の新規の配列。DBDとしてタンデムリピート構造をもつ。</p> <p>(5)カイコのゲノム解明とトランスジェニックカイコの開発は昆虫テクノロジーで注目されており、FMBP1の構造説明から効率的なタンパク質発現に寄与できる可能性がある。</p>		北海道大学大学院理学研究科 (出村誠)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
Canine Milk Lysozyme	2CWI	on hold		(1)溶菌活性を有する抗菌タンパク質 (2)極めて安定な、変性中間体(MG状態)を有するためタンパク質のフォールディングの研究のモデルタンパク質として重要なタンパク質。 (3)このタンパク質の変性中間体(MG状態)の異常な安定化の要因の解明は、球状タンパク質のフォールディング経路の解明にとって重要な意味を持つと考えられているため、効率の良いタンパク質の大量生産などの基礎となることが期待される。 (4)変性中間体(MG状態)を安定化する相互作用に関する新規の知見を得ることに成功した。これは、タンパク質のフォールディングデザインに関して重要な知見である。 (5)本来の機能である溶菌活性に関しても立体構造から興味深い知見を得ており、応用利用が期待される点である。		北海道大学大学院理学研究科 (出村誠)
ASABF (Antibacterial Peptide Isolated from a Nematode, <i>Ascaris Suum</i>)	2D56	on hold		(1)線虫由来の抗菌ペプチド。 (2)モデル生物 <i>C. elegans</i> を含めて、線虫の抗菌ペプチドの立体構造解析に成功した世界初の成果である。 (3)極めて安定性の高い抗菌ペプチドでその安定化のメカニズムは興味深い。 (4)多種の生物から部分的に相同性の高いペプチドをもつものは発見されているものの、ASABFは興味深い2ドメイン構造を有しており、分子全体としてはまったく新規の立体構造であり、大きなインパクトをもつ成果である。 (5)この分子の立体構造と抗菌活性の相関の解明は、抗菌分子のデザインにつながる可能性を有している。	(抗菌ペプチドデザイン)	北海道大学大学院理学研究科 (出村誠)
抗癌抗原CEA特異的抗体T84.66 可変領域	1J05	Released	14/01/2003	癌抗原として幅広い癌細胞表面に発現し、診断マーカーとして用いられているCEAに特異的に結合する抗体T84.66の可変領域断片である。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
HyHEL-10 Fv Mutant LY50F 抗原複合体	1J10	Released	14/01/2003	モデル抗体として、相互作用解析研究を進めてきた、ニワトリリゾチーム特異的抗体HyHEL-10のL鎖Tyr50をPheに変異させた変異体である。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
HyHEL-10 Fv Mutant LS91A 抗原複合体	1J1P	Released	14/01/2003	モデル抗体として、相互作用解析研究を進めてきた、ニワトリリゾチーム特異的抗体HyHEL-10のL鎖Ser91をAlaに変異させた変異体である。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
HyHEL-10 Fv Mutant LS93A 抗原複合体	1J1X	Released	14/01/2003	モデル抗体として、相互作用解析研究を進めてきた、ニワトリリゾチーム特異的抗体HyHEL-10のL鎖Ser93をAlaに変異させた変異体である。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
HYHEL-10 FV MUTANT SFSF 抗原複合体	1UA6	Released	28/02/2002	モデル抗体として、相互作用解析研究を進めてきた、ニワトリリゾチーム特異的抗体HyHEL-10の重鎖Tyr53Ser54Ser56Tyr58を無作為に変異、標的変異抗原に対する高い親和性を持つ変異体として選択されたSer53Phe54Ser56Phe56変異体と変異抗原の複合体である。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
HYHEL-10 FV MUTANT SFSF 抗原複合体	1UAC	Released	08/03/2002	モデル抗体として、相互作用解析研究を進めてきた、ニワトリリゾチーム特異的抗体HyHEL-10の重鎖Tyr53Ser54Ser56Tyr58を無作為に変異、標的変異抗原に対する高い親和性を持つ変異体として選択されたSer53Phe54Ser56Phe56変異体と野生型抗原の複合体である。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
<i>Pho</i> CutA-Cu ²⁺ complex	1UKU	Released	01/09/2004	CutAは2価の金属の調節機構に關与するタンパク質であると考えられているが、その機能に関する知見は得られていなかった。我々は <i>Pho</i> CutAのCu ²⁺ との複合体の構造解析を行い、CutAの金属への結合様式を理解することが出来た。金属結合には酸素原子のみが關与していたが、これは重金属イオンのタンパク質への配位法として新規な例である。また、構造解析の結果は、in vitroの実験から得られた <i>Pho</i> CutAの2価の金属イオンに対する分子特性を強く裏付ける結果であった。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
<i>Pho</i> CutA	1J2V	Released	13/01/2004	上記蛋白質のアポ型の構造である。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
<i>Pho</i> CutA-GdnHCl complex	1UMJ	Released	05/10/2004	<i>Pho</i> CutAは、分光学的解析よりタンパク質変性剤である塩酸グアニジン (GdnHCl) に対し、極めて高い安定性を有するという、興味深いタンパク質であることが示されている。我々は3M GdnHCl中で <i>Pho</i> CutAの結晶を調製し、その構造を決定した。高濃度のGdnHCl中での構造解析の例はない。得られた構造情報を基に、 <i>Pho</i> CutAの構造安定性や、GdnHClのタンパク質に及ぼす影響に関する知見を得ることが出来た。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
<i>Sto</i> PIMT	1VBF	Released	10/08/2004	<i>Sto</i> PIMTは、他の生物由来PIMTに比べC末端側に約30残基ほど長いという特徴を有する。また他のPIMTは単量体なのに対し、 <i>Sto</i> PIMTは6量体として存在している。構造解析の結果、C末端の30残基はcoiled coil構造を形成し、6量体形成に關与していた。更に、この部位は、その多量体化能を利用し、他のタンパク質を多量体化させることが可能であり、工学材料としての産業利用へとつながった。	C末端のα-helixドメインは、蛋白質を多量体化できる新規ペプチドとして特許申請済みである。	東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
<i>Sto</i> PCNA	1UD9	Released	15/06/2004	真核生物由来のPCNAはホモ3量体として機能するタンパク質であるが、古細菌由来のPCNAはヘテロ3量体として機能する。構造解析の結果、単量体の構造は極めて良く類似していた。接触部位の残基の違いから、ホモ3量体を形成できない要因について構造学的な知見を得た。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
ST2072	1VE0	Released	22/03/2005	ST2072は多種の生物間で広く保存されている機能未知タンパク質である。結晶構造内には亜鉛イオンと酢酸イオンが確認され、それらは保存性の高い残基と結合していたことから、ST2072が酵素であると推察できた。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
ST1454	1WOZ	Released	04/10/2005	ST1454はコバラミンアデノシルトランスフェラーゼである。構造解析と、種々の生化学的データ、コンピューターシミュレーションの結果を合わせ、ST1454の機能発現に関する詳細な知見を得ることが出来た。また、ST1454は変性剤に強い耐性を有する事が分かっており、その要因についての構造学的知見も得る事ができた。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
ST2180	1WWT	on hold		ST2180は上記のST1454のホモログ蛋白質である。2つの構造の比較と、コンピューターシミュレーション、生化学的実験から、各タンパク質の生体内での機能に関する知見を得る事ができた。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
ST0229	1WSC	Released	08/11/2005	ST0229は多種の生物間で広く保存されている機能未知タンパク質である。非対称単位中に存在する2分子の構造の違いから、活性部位の構造がフレキシブルであることが示された。現在、機能解析を行っている。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)
PH0178	1J08	Released	11/05/2003	多種の生物間で広く保存されている機能未知タンパク質である。		東京大学大学院新領域創成科学研究科 (津本浩平)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
eRF3c	1R5B	Released	2004/5/25	ペプチド鎖解離因子(eRF3)は、翻訳終結因子として、全タンパク質の生合成に関わる。高等動物では、疾患に関連する表現系に関与し、将来の創薬ターゲットとして有用である。	なし	東京大学・医科学研究所 (伊藤耕一)
eRF3c-GDP bound form	1R5N	Released	2004/5/25	ペプチド鎖解離因子(eRF3)は、翻訳終結因子として、全タンパク質の生合成に関わる。高等動物では、疾患に関連する表現系に関与し、将来の創薬ターゲットとして有用である。	なし	東京大学・医科学研究所 (伊藤耕一)
eRF3c-GTP(GMPPNP) bound form	1R5O	Released	04/5/25	ペプチド鎖解離因子(eRF3)は、翻訳終結因子として、全タンパク質の生合成に関わる。高等動物では、疾患に関連する表現系に関与し、将来の創薬ターゲットとして有用である。	なし	東京大学・工学研究所 (鈴木勉)
ミトコンドリアセリルtRN合成酵素	1WLE	Released	2005/9/6	他の生物種も含めてオルガネラ由来のアミノアシルtRNA合成酵素として、初めての構造解析であり、アミノアシルtRNA合成酵素の進化的な観点から非常に有用な情報である。また、今回解析された分解能1.6オングストロームは、これまでに報告されているどのアミノアシルtRNA合成酵素の立体構造よりも高い分解能である。ヒトの遺伝子は、DFNA4の遺伝子座に位置し、難聴の原因遺伝子の可能性が指摘されており、今後、実際の患者でこの遺伝子に変異が見つければ、構造生物学的な見地から疾患の発症機構の研究につながる事が期待される。	なし	東京大学・医科学研究所 (伊藤耕一)
Acidian trypsin inhibitor	1I14	Released	2002/8/28	ATIは3本のジスルフィド結合による特徴的な構造を持つホヤ由来のプロテアーゼ阻害剤である。ジスルフィド結合による構造安定化機構の解明に有用である。		大阪大学大学院薬学研究科 (吉田卓也)
Ovomucoid 3rd domain (Silver Pheasant)	1IY5 1IY6	Released	2003/3/12	Ovomucoidは近年問題となっている卵アレルギーの原因物質の一つであり、その構造活性相関の解明は重要である。		大阪大学大学院薬学研究科 (吉田卓也)
Neocarzinostatin	105P	Released	2003/10/14	Neocarzinostatinは高い抗癌作用を示すタンパク質であり、その作用は結合している特異な化学構造を持つクロモフォアに依存している。立体構造解析によって示された、Neocarzinostatinのクロモフォア安定化・放出機構は、抗癌剤の創薬において重要な知見となる。		大阪大学大学院薬学研究科 (吉田卓也)
Endothelin-1	1V6R	Released	2004/3/16	Endothelin-1は強力な血管収縮活性を示すペプチドで、血管状態の恒常性維持に重要である。その立体構造は循環器系疾患や、高血圧といった疾病を標的とした創薬において重要な知見を与える。		大阪大学大学院薬学研究科 (吉田卓也)
L16	1WKI	Released	2004/12/14	L16は50Sリボソームサブユニットの構造形成と活性保持に不可欠なタンパク質である。アヴィラマイシンなど幾つかの抗生物質との相互作用が示唆されており、その構造は新規抗菌剤の開発に重要な知見となる。		大阪大学大学院薬学研究科 (吉田卓也)
Sp1 DBD	1VA1 1VA2 1VA3	Released	2005/2/8	Sp1は普遍的な転写因子であり、様々な遺伝子の転写制御に重要な役割を担っている。今回解析したDNA結合ドメインは、特異な認識配列を示す亜鉛フィンガーモチーフを有しており、任意のDNA配列を認識する人工転写因子・人工制限酵素や、プロテインチップの設計に有用な知見を与える。		大阪大学大学院薬学研究科 (吉田卓也)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
50S/RRF-DI complex	1Y69	Released	2005/3/1	RRFは真性細菌の蛋白質合成に必須な翻訳因子である。そのリボソーム結合ドメインであるRRF-DIと、50Sリボソームとの複合体構造は、翻訳装置の作動機構解明に関し重要な知見となる。また、リボソームを標的とした新規抗菌剤の開発に寄与する。		大阪大学大学院薬学研究科 (吉田卓也)
AEI	1Y1B 1Y1C	Released	2005/7/19	AEIは特異な構造を持つイソギンチャク由来のプロテアーゼ阻害剤である。本研究では、ジスルフィド結合の改変体構造を併せて解析し、阻害特異性と構造との相関を解析することで、阻害剤の合理的改変に有用な知見が得られた。		大阪大学大学院薬学研究科 (吉田卓也)
翻訳開始因子IF-2B	1VB5	Released	2004/12/7	真核生物翻訳開始因子2タンパク質(新規), 耐熱性		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究院 (木村誠)
翻訳開始因子aIF-5A	1IZ6	Released	2003/1/28	好熱菌由来翻訳開始因子. 耐熱性		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究院 (木村誠)
リボヌクレアーゼH	1UAX	Released	2004/6/29	好熱菌由来リボヌクレアーゼ. 耐熱性		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究院 (木村誠)
リボヌクレアーゼNW	1IYB	Released	2003/8/5	植物葉傷害誘導性RNA分解酵素.		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究院 (木村誠)
リボヌクレアーゼMC1 (N71T変異体) 5'-GMP複合体	1J1F	Released	2003/5/20	ウリジン特異的RNA分解酵素のグアニン特異性への改変. 基質類似体との複合体の構造解析.		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究院 (木村誠)
リボヌクレアーゼMC1 (N71S変異体) 5'-GMP複合体	1J1G	Released	2003/5/20	ウリジン特異的RNA分解酵素のグアニン特異性への改変. 基質類似体との複合体の構造解析.		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究院 (木村誠)
PhoReIE-phoReIB複合体	1WMI	Released	2005/3/15	細菌由来翻訳反応抑制因子の阻害剤(新規構造)		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究院 (木村誠)
リボヌクレアーゼP蛋白質サブユニット PH1877p (ヒトRpp30ホモログ)	1V77	Released	2004/8/31	リボザイム構成タンパク質(新規構造) 耐熱性酵素		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究院 (木村誠)
リボヌクレアーゼP蛋白質サブユニット PH1771p (ヒトRpp29ホモログ)	1V76	Released	2004/10/5	リボザイム構成タンパク質(新規構造) 耐熱性酵素		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究院 (木村誠)
リボヌクレアーゼP蛋白質サブユニット PH1496p (ヒトRpp38ホモログ)	2CZW	on hold		リボザイム構成タンパク質(類似構造) 耐熱性酵素		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究院 (木村誠)
リボヌクレアーゼP蛋白質サブユニット PH1481p (ヒトpop5ホモログ)	2CZV	on hold		リボザイム構成タンパク質(新規構造) 耐熱性酵素		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究院 (木村誠)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
リボヌクレアーゼ P 蛋白質サブユニットPH1601p (ヒトRpp21ホモログ)	1X0T	Released	2004/11/15	リボザイム構成タンパク質(新規構造), 耐熱性酵素. tRNAの5'末端を特異的切断するリボザイム(RNaseP)構成蛋白質の立体構造解明によりRNasePの触媒反応メカニズム, 耐熱性メカニズムの解明に大きく貢献する. 亜鉛結合性.		国立大学法人 九州大学大学院 農学研究部 (木村誠)
ヒトリゾチーム変異型 (159A/C77,95A)	11X0	Released	2003/3/22	蛋白質の安定性における水の役割に関する研究		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
トリプトファン合成酵素 サブユニット	1V8Z	Released	2005/2/25	蛋白質の熱安定性と複合体形成による活性増幅機構の解明のための基礎データ		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
トリプトファン合成酵素 2 2複合体	1WDW	Released	2005/7/12	複合体形成による酵素活性増幅機構の解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT	1UJI	on hold		突然変異と異常RNA合成抑制に働く原子レベルでの仕組みの解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT-Mn複合体	1UJG	on hold		突然変異と異常RNA合成抑制に働く原子レベルでの仕組みの解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT-Cd複合体	1UJH	on hold		突然変異と異常RNA合成抑制に働く原子レベルでの仕組みの解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT-8-oxo-dGMP複合体	1UJF	on hold		突然変異と異常RNA合成抑制に働く原子レベルでの仕組みの解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT-8-oxo-dGMP -Mn 複合体	1UJE	on hold		突然変異と異常RNA合成抑制に働く原子レベルでの仕組みの解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT-8-oxo-dGTP複合体	1x0y	on hold		突然変異と異常RNA合成抑制に働く原子レベルでの仕組みの解明と動的結晶学による加水分解反応機構の解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT-8-oxo-dGTP-Mn 複合体	1x0z	on hold		突然変異と異常RNA合成抑制に働く原子レベルでの仕組みの解明と動的結晶学による加水分解反応機構の解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
IMP-1 共有結合型阻害剤複合体	1VGN	Released	2005/6/25	病原細菌のラクタム系抗生物質に対する薬剤耐性の原因蛋白質メタロ -ラクタマーゼIMP-1の阻害剤開発への応用		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
IMP-1 DA変異型	1V69	Released	2005/5/29	病原細菌のラクタム系抗生物質に対する薬剤耐性の原因蛋白質メタロ -ラクタマーゼIMP-1の反応機構解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
IMP-1 DE変異型	1V68	Released	2005/5/29	病原細菌のラクタム系抗生物質に対する薬剤耐性の原因蛋白質メタロ -ラクタマーゼIMP-1の反応機構解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
IMP-1 蛍光試薬複合体	1x0b	on hold		病原細菌のラクタム系抗生物質に対する薬剤耐性の原因蛋白質メタロ -ラクタマーゼIMP-1の蛍光検出試薬の開発への応用		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
pyrrolidone carboxyl peptidase変異型 (E192A)	1x10	on hold		タンパク質の熱安定性における分子内部のグルタミン酸による水素結合の役割		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
pyrrolidone carboxyl peptidase変異型 (E192D)	1x12	on hold		タンパク質の熱安定性における分子内部のグルタミン酸による水素結合の役割		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
pyrrolidone carboxyl peptidase変異型 (E192Q)	1z8t	on hold		タンパク質の熱安定性における分子内部のグルタミン酸による水素結合の役割		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
pyrrolidone carboxyl peptidase変異型 (E192I)	1z8w	on hold		タンパク質の熱安定性における分子内部のグルタミン酸による水素結合の役割		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
pyrrolidone carboxyl peptidase変異型 (E192V)	1z8x	on hold		タンパク質の熱安定性における分子内部のグルタミン酸による水素結合の役割		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
hMTH1-8-oxo-dGMP複合体	1z8z	on hold		ヒトにおけるhMTH1の突然変異と異常RNA合成抑制に働く原子レベルでの仕組みの解明 (新規の幅広い基質特異性獲得機構の発見)と新規抗がん薬の候補となる阻害剤の設計	熊本大学薬学部 創薬研究センター (平成18年度設立予定)関連企業(未定)	熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT-8-oxo-dGTP複合体の結晶内反応1	2D71	on hold		動的結晶学を用いたMutTによる8-oxo-dGTPの加水分解反応機構の解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT-8-oxo-dGTP複合体の結晶内反応2	2D72	on hold		動的結晶学を用いたMutTによる8-oxo-dGTPの加水分解反応機構の解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT-8-oxo-dGTP複合体の結晶内反応3	2D75	on hold		動的結晶学を用いたMutTによる8-oxo-dGTPの加水分解反応機構の解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT-8-oxo-dGTP複合体の結晶内反応4	2D76	on hold		動的結晶学を用いたMutTによる8-oxo-dGTPの加水分解反応機構の解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
MutT-8-oxo-dGTP複合体の結晶内反応5	2D77	on hold		動的結晶学を用いたMutTによる8-oxo-dGTPの加水分解反応機構の解明		熊本大学大学院医学薬学研究部 (山縣ゆり子)
ヒト由来トリプトファンtRNA合成酵素	1ULH	Released	2004/2/1	tRNAのアミノアシル化以外に、血管内皮細胞にアポトーシスを誘導することにより、血管新生を抑制することから、癌や失明疾患の治療に応用される。	住友化学薬品	東京工業大学大学院生命理工学研究科 (濡木理)
CCA付加酵素・tRNAプライマー・ATP複合体	1VFG	Released	2004/8/10	DNAの鋳型なしで決まった配列のRNAを重合するRNAポリメラーゼの反応機構を世界にさきがけて解明した。本構造に基づいてCCA付加酵素を改変することにより、新規のアミノ酸をtRNAに結合させる技術の開発につながる可能性がある。		東京工業大学大学院生命理工学研究科 (濡木理)
リシジン合成酵素TilS	1WY5	Released	2005/5/3	tRNAのコドン特異性とアミノ酸特異性を人為的に制御することで、新規のアミノ酸をタンパク質中に導入することが可能となる。		東京工業大学大学院生命理工学研究科 (濡木理)
メチオニルトRNA合成酵素とtRNA (とMet-AMP)の複合体	2CSX 2CT8	Released	2005/8/4	本酵素は2種類の異なるメチオニントRNAを厳密に認識してメチオニンを結合することで正確な遺伝暗号の翻訳を保證している酵素であり、本複合体の結晶構造に基づいて、非天然アミノ酸を標的タンパク質に導入するタンパク質工学に応用できる。	住友化学薬品	東京工業大学大学院生命理工学研究科 (濡木理)

タンパク質名	PDB ID	状況	リリース日	当該解析のメリット及び重要性の概要	成果の産業移転先 (予定を含む)	シート作成者
TusBCDチオ化酵素	2D1P	on hold		本酵素はtRNAのアンチコドン1字目にチオ化修飾を行うことにより、tRNAのコドン特異性とアミノ酸特異性を同時に変換し、正確な遺伝暗号の翻訳を保証している酵素である。エイズウイルスHIVが自分のmRNAを逆転写する際にプライマーとしてtRNA(Lys)を用いるが、この際、逆転写酵素によるtRNA(Lys)の認識にtRNAアンチコドンのチオ化修飾が必須であることから、本酵素の阻害剤を開発することで、エイズの治療に応用できる可能性がある。		東京工業大学大学院生命理工学研究科 (瀧木理)
tRNA依存性アミド基転移酵素GatDEとtRNA(Gln)との複合体	2D6F	on hold		多くのバクテリア、オルガネラ、古細菌にはGlnRSが存在せず、代わりにGluRSがtRNA ^{Gln} にGluを結合させ、tRNA依存性アミド基転移酵素がtRNAに結合したGluをGlnに変換する。バクテリアでは、GatCABヘテロトラимерが、古細菌ではGatDEヘテロダイマーがこの反応を触媒する。したがって、Gln-tRNA ^{Gln} の合成経路は、真性細菌、古細菌、真核生物でみな異なることになる。GatCABとGatDEは相同性が高いため、本結晶構造に基づき、GatCABの阻害剤、すなわちバクテリアのGln-tRNA ^{Gln} の合成経路を特異的に遮断する薬剤が創成できれば、極めて有効な抗生物質になると期待される。		東京工業大学大学院生命理工学研究科 (瀧木理)
大腸菌CyPB tripeptideの複合体	1v9t	Released	2004/9/21	プロリンを含むポリペプチドのトランスからシスへの異性化反応において、プロリンの周りの回転が起こる時に、プロトンの供与に伴ってプロリンのN原子上の電子状態のconfiguration変化と微視的なコンフォメーション変化が起こる過程の共通性の確認を行う。	なし	国立大学法人お茶の水女子大学 (今野美智子)
大腸菌CyPB と tetrapeptideの複合体	1vai	Released	2004/9/21	同上	なし	国立大学法人お茶の水女子大学 (今野美智子)
大腸菌CyPB K163T	1j2a	Released	2004/2/10	同上	なし	国立大学法人お茶の水女子大学 (今野美智子)
T. thermophilus MetRSとMet-AMS複合体	1u10 1wtz	on hold		アミノアシル tRNA合成酵素のなかで、唯一アミノアシル化反応の活性部位と共通の領域でeditingが起こり、この機構の解明に重要	なし	国立大学法人お茶の水女子大学 (今野美智子)
human annexin IV	1vdo	on hold		分泌をコントロールするタンパク質で、フォールドしたタンパク質が構造変化をして膜タンパク質へ移行する過渡的な状態のモデル分子となる。分泌型への変化を抑える上でループの構造変化をおこさせないようにすれば良い。	なし	国立大学法人お茶の水女子大学 (今野美智子)
酵母菌CyPAと tetrapeptide複合体	1vdn	Released	2005/6/28	プロリンを含むポリペプチドのトランスからシスへの異性化反応において、プロリンの周りの回転が起こる時に、プロトンの供与に伴ってプロリンのN原子上の電子状態のconfiguration変化と微視的なコンフォメーション変化が起こる過程の共通性の確認を行う。	なし	国立大学法人お茶の水女子大学 (今野美智子)
MetRS Y225F変異体(isopropanol)	1woy	Released	2005/9/13	アミノアシル tRNA合成酵素のアミノアシル化機構の解明に重要	なし	国立大学法人お茶の水女子大学 (今野美智子)
MetRS Y225F変異体(PEG6000)	2d5b	on hold		同上	なし	国立大学法人お茶の水女子大学 (今野美智子)
MetRS Y225A変異体	2d54	on hold		同上	なし	国立大学法人お茶の水女子大学 (今野美智子)
F1-ATPase	1WRH	on hold		阻害型構造F1-ATPaseの構造から、作動機構への理解が深化する	なし	国立遺伝学研究所 (白木原康雄)