

糖質加水分解酵素ファミリー31サブファミリー15および19に属する酵素の構造と機能に関する研究

メタデータ	言語: ja 出版者: 静岡大学 公開日: 2024-06-18 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 池谷, 真里奈 メールアドレス: 所属:
URL	<a href="https://doi.org/10.14945/0002000668">https://doi.org/10.14945/0002000668</a>

専攻 バイオサイエンス 学籍番号 55144007 学生氏名 池谷 真里奈論文題目 糖質加水分解酵素ファミリー31に属する微生物由来酵素の構造と機能に関する研究

本論文は、多くの生物種が有する  $\alpha$ -グルコシダーゼを含めて、多様な基質特異性をもつ酵素が属する糖質加水分解酵素ファミリー31 (GH31) に着目し、分子系統解析から微生物由来の新規活性酵素を見出し、その機能と立体構造の相関を明らかにしたものである。

第1章では、緒論として糖質関連酵素の分類や、GH31に属する酵素の基質特異性、反応機構、生理機能および立体構造に関する先行研究について概説し、本論文の研究を行うに至った背景を述べている。

第2章では、既知のGH31酵素と系統的に離れた機能未知タンパク質群であるGH31\_u1に着目し、乳酸球菌 *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* および真菌 *Cordyceps militaris* 由来酵素 (LIGH31\_u1 および CmGH31\_u1) を対象として、酵素学および構造生物学的解析を行った研究について述べている。両酵素の組換え体は、ニゲロースなどのニゲロオリゴ糖の  $\alpha$ -(1→3)-グルコシド結合に高い加水分解活性を示し、その特異性は既報の  $\alpha$ -1,3-グルコシダーゼより厳密であることが分かった。LIGH31\_u1のX線結晶構造解析およびクライオ電子顕微鏡単粒子解析によって立体構造を決定し、六量体を形成していることを明らかにした。グルコース、ニゲロオリゴ糖 (二糖から四糖)、コージビオースとの複合体構造解析から、厳密な  $\alpha$ -(1→3)-グルコシド結合特異性の構造基盤を明らかにした。

第3章では、機能未知なバクテリア由来  $\alpha$ -ガラクトシダーゼが含まれるGH31サブファミリー19 (GH31\_19) に着目し、腸内細菌 *Bacteroides salyersiae* および土壌細菌 *Flaviumibacter petaseus* 由来酵素 (BsGH31\_19 および FpGH31\_19) を対象として、酵素学および構造生物学的解析を行った研究について述べている。両酵素の組換え体は、動物のスフィンゴ糖脂質に見られる構造である  $\alpha$ -(1→4)-ガラクトビオースやグロボトリオースの  $\alpha$ -(1→4)-ガラクトシド結合に特異性の高い  $\alpha$ -1,4-ガラクトシダーゼであることがわかった。両酵素ともX線結晶構造解析を行い、FpGH31\_19については  $\alpha$ -(1→4)-ガラクトビオースとの複合体構造を決定した。その結果、同じ基質に作用する酵素でありながら、基質結合部位の一部のアミノ酸残基が保存されておらず、多様性が見られることが分かった。

以上のように、本論文ではGH31から見出した二種類の新規活性酵素の構造機能相関を明らかにしたことから、微生物の新しい糖質代謝経路の解明や酵素の応用につながる有用な知見を与えている。よって、本論文は博士 (農学) の学位論文としてふさわしいものと認められる。