



Title	The Domain Movement of an Enzyme Molecule Induced by Substrate Binding
Author(s)	石嶋, 潤
Citation	大阪大学, 2000, 博士論文
Version Type	VoR
URL	https://doi.org/10.11501/3169135
rights	
Note	

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

氏 名	いし しま じゅん 石 嶋 潤
博士の専攻分野の名称	博 士 (理 学)
学 位 記 番 号	第 1 5 1 7 4 号
学 位 授 与 年 月 日	平成12年 3 月 24 日
学 位 授 与 の 要 件	学位規則第4条第1項該当 理学研究科生物科学専攻
学 位 論 文 名	The Domain Movement of an Enzyme Molecule Induced by Substrate Binding (基質結合に伴う酵素分子のドメインの動き)
論 文 審 査 委 員	(主査) 教 授 倉 光 成 紀 (副査) 教 授 福 山 恵 一 教 授 谷 澤 克 行

論 文 内 容 の 要 旨

アスパラギン酸アミノ基転移酵素 (AspAT) は、基質結合に伴って、立体構造変化を伴った基質認識 (誘導適合) が起こることが示されている。この酵素の一連の疎水性基質 [C_n 基質: (CH₃(CH₂)_{n-3}C₆H(NH₃⁺)COO⁻, n = 3 ~ 7] に対する活性 ($\Delta G^\ddagger$: 遷移状態 (ES[‡]) と、結合前の基質と酵素 (E+S) との自由エネルギー差) は、C4 を境に基質の炭素数によって、2つのグループに分かれる。C4 以上の長さの基質に対する $\Delta G^\ddagger$ の直線的な増加は、基質結合ポケットが非常に均一な空間によって構成されていることを示している。C4 を境に $\Delta G^\ddagger$ の直接関係が正から負に変わっていることから、この前後で基質結合ポケットの環境が親水性から疎水性に変わっていることが示唆された。

この基質結合ポケットの環境変化を調べる目的で、活性測定に用いた一連の疎水性基質アミノ酸に対して補酵素 PLP を共有結合させた PLP アミノ酸 (C_n-PLP, n = 3 ~ 6) を合成し、アボ化した AspAT をホロ化させて、それらの立体構造を X 線結晶構造解析により決定した。その結果、C4 から C5 への CH₂ 1 個の付加によって、酵素のドメイン構造が open 型から closed 型へと大きく変化することが分かった。このことから、速度論的解析によって示された基質結合ポケットの環境の変化は、誘導適合によって起こることが示唆された。

Arg292 は、酸性基質の側鎖カルボキシル基を基質結合ポケット内部に入り込んで認識し、塩橋によって基質の位置を固定する残基である。しかし、意外なことに疎水性基質を認識する場合にも、この正電荷を持ったアルギニン残基は基質結合ポケット内部へ入り込むことが分かった。また、これらのドメイン構造の変化は、Ile17、Leu18 及び Ile37 と基質との相互作用によって引き起こされることが示された。このとき Ile37 は、open 型では、側鎖が基質から 10 Å 以上離れているのに対し、closed 型では、3.6 Å まで接近した。

つぎに、誘導適合によって主鎖の構造を大きく変える Ile37 の動きについて調べるために、Ile37 を他のアミノ酸に置換した変異型酵素を作製し、X 線結晶解析及び速度論的解析を行った。その結果、Ile37 を体積の小さな疎水性アミノ酸に置換すればするほど反応性が低下し、特に Ile37Gly の変異型酵素では誘導適合を起こさないことが分かった。これらの結果から、誘導適合に 37 番目の残基が重要であることが示唆された。

以上の結果と、速度論的解析の結果を基にして、熱力学的サイクルを考え、ドメインの動きに要するエネルギーを約 2 kcal/mol と推定した。この値は、原子間力顕微鏡で観測された、他のタンパク質の結果とほぼ一致した。更に、同じアミノ基転移酵素でありながら基質特異性の異なる芳香族アミノ酸アミノ基転移酵素について、同様の結果が得

られたことから今回の解析結果は支持された。

論文審査の結果の要旨

多くの酵素はドメイン間に挟み込むようにして基質を結合することが知られている。アミノ基転移酵素と一連の直鎖脂肪酸アミノ酸基質との複合体のX線結晶構造解析を行い、酵素活性の結果と比較することによって、基質結合時に酵素のドメインが動くエネルギーを算出することが可能となった。よって、博士（理学）の学位論文として十分価値あるものと認める。