

業績紹介：タンパク質間相互作用の時間分解検出

寺嶋正秀

(京都大院理・A01 計画研究代表者)

論文題目: "Transient dissociation of the transducer protein from Anabaena sensory rhodopsin concomitant with formation of the M state produced upon photoactivation"

著者: M. Kondoh, K. Inoue, J. Sasaki, J. Spudich, M. Terazima

雑誌巻号: *J. Am. Chem. Soc.*, **133**, 13406–13412 (2011).

Anabaena sensory rhodopsin (ASR)は、微生物型ロドプシンの一種であり、次の伝達蛋白質(Tr)に光信号を伝える光センサーとしての機能を持つと考えられている。この基本骨格はバクテリオロドプシンなどと類似の膜貫通7本 α ヘリックス構造をしており、吸収変化からとらえられる反応も、他の微生物型ロドプシンと類似している。しかしその機能に関して重要な、Trとの相互作用変化は、多くの努力によっても検出されることがなく、本当にセンサーとして働いているのかという疑問が出てくるほどであった。ここでは、著者のグループが開発してきた過渡回折格子(TG)法により時間分解分子拡散という観点から相互作用検出を試みた。

ASR 溶液の光励起後に観測された TG 信号を図 1(a) (色の濃い線)に示した。信号の格子波数依存性から、マイクロ秒から数 10 ms にかけて観測された大きな山型信号は化学反応過程を、数 100 ms の時間スケールに見られた小さな減衰信号は分子拡散過程を各々反映していることが分かった。バクテリオロドプシンに代表される微生物型ロドプシンの光反応との対比により、ミリ秒領域に見られた大きな山型の反応信号を M 中間体の形成・消失に伴う吸収変化過程を反映した信号と同定した。一方で、拡散信号が小さな減衰型で観測された事実は ASR とその光反応生成物がそれぞれ同じ時間スケールで拡散していることを示しており、このことから ASR 単体の光反応においては、分子拡散過程の変化を伴う反応は起きていないことが分かった。

次に ASR 溶液に Tr を加えると (図 1(a)(薄い色の線))、早い時間の吸収変化反応を反映した信号にはほとんど変化が見られず、光受容後に発色団付近で起きる反応過程には Tr があまり影響していないことが分かる。一方で、遅い時間の分子拡散信号には明らかな違いが見られた。このことは、Tr との相互作用変化が分子拡散

の変化として現れたことを示している。その拡散信号部分だけを抽出したのが図 1(b)であるが、その強度には顕著な時間変化が見られた。一つの重要な点は、拡散係数変化が一旦大きくなった後、また小さくなったことである。このことは、光刺激によって Tr との相互作用が一旦減少するが、また M 中間体の減衰とともに再増加することを示している。すなわち、ASR と Tr の相互作用は過渡的であり、このことが従来の定常的な相互作用検出法では検出できなかった理由と考えられる。この中間体との相互作用変化がなぜ起こっているかはこれからの更なる研究を待たなければならないが、揺らぎが関与している可能性が考えられる。

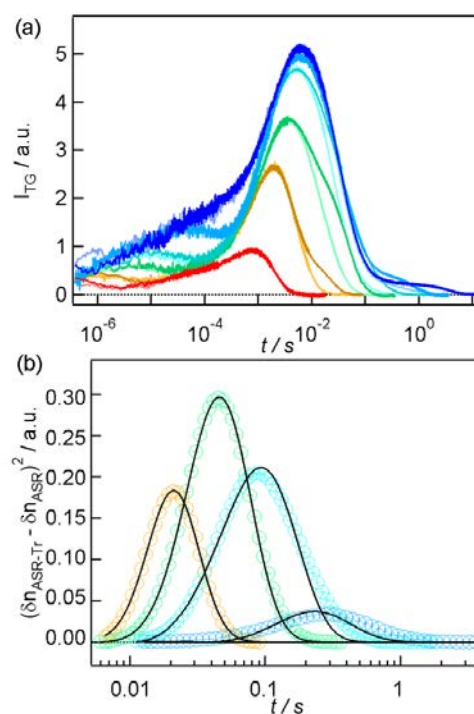


図 1(a) 光励起後に観測された TG 信号(濃い色の線: ASR のみ、薄い色の線: ASR+Tr 溶液) (b)拡散信号部分(○印: 実測、実線: ベストフィット曲線)

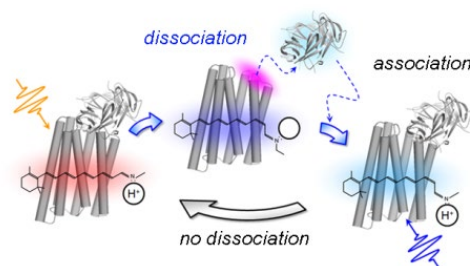


図 2 ASR と Tr との相互作用スキーム

業績紹介：アロステリック蛋白質の大振幅ゆらぎにおけるフラストレーション、配列特異性、と非線形性

高田彰二

(京都大学理学研究科・A01 公募研究代表者)

論文題目: "Frustration, specific sequence dependence, and nonlinearity in large-amplitude fluctuations of allosteric proteins"

著者: Wenfei Li, Peter G. Wolynes, and Shoji Takada

雑誌巻号: *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **108**: 3504-3509, (2011)

多くのタンパク質は、他分子との相互作用によりその構造を変化させ、機能を調節している。このような調節機構を一般にアロステリーとよぶ。構造変化は、アロステリック蛋白質のゆらぎ、とくに大振幅ゆらぎと密接に関係しているであろう。アロステリーを実現するために蛋白質はどのように大振幅ゆらぎを設計しているのか、この点はまだそれほどよく理解されていない。我々は最近、アロステリーを実現する大振幅ゆらぎのために蛋白質の配列がどのような性質をもっているか、を研究した。

まず、アロステリック蛋白質のエネルギー解析から始めた。全原子モデルの AMBER エネルギー関数から近似的に、アミノ酸対 ij の相互作用エネルギーが計算できる。これを PDB に二つの構造が存在する 71 個のアロステリック蛋白質について計算し、分析した。

アロステリック蛋白質中で、近距離に接近（これを接触とよぶ）しているアミノ酸対の集合を、両方の構造で接触している対（共有対）の集合と、片方の構造でだけ接触している対（特異的対）の集合とに分ける。各集合のアミノ酸対エネルギーの分布を調べてみると面白いことが分かった。図 1a は、アデニル酸キナーゼの場合の結果を示す。共有対（shared）と特異的対（state-specific）の対エネルギー分布は際立って異なる。共有対の集合は長いすそ野をもつ指数分布をしており、弱いものから強い対エネルギーをもっているものまで分布する。一方、特異的対の集合は、弱いエネルギーのところに分布が偏っており、強い相互作用をするアミノ酸対が存在しない。特異的対は、構造変化に際して切れる必要があるのも、もうひとつの構造で

もそれほど強い相互作用をしていないのである。テストした 71 個のアロステリック蛋白質すべてで同じ傾向が観察された（図 1b）。この差異の原因は、特異的対に使われるアミノ酸の組成が異なること、同じアミノ酸種でも相対距離が異なること、同じアミノ酸種かつ同じ距離でも周りの環境が異なることが総合的に寄与している。後者二つは、特異的対の相互作用にはフラストレーションがあり、そのために相互作用が弱いということを示唆している。

このような特異的なアミノ酸対エネルギーの特徴は、アロステリック蛋白質の大振幅ゆらぎにどのような影響を及ぼすだろう？我々はまず、AMBER エネルギー関数で計算したアミノ酸対の相互作用エネルギーに比例する相互作用をもつアミノ酸分解能の郷モデル（AICG モデル）(1)を構築した。従って、アロステリック蛋白質では、構造変化する際に解離することになる特異的対は弱い相互作用となる。

71 個のアロステリック蛋白質の二つの状態各々について、AICG モデルにおける大振幅ゆらぎは、単純郷モデルにおけるものよりも、構造変化すべき方向に近いことが分かった。特異対の相互作用がもつフラストレーションを取り込むことで、アロステリック蛋白質の各状態における大振幅の構造ゆらぎが、そのままその蛋白質の構造変化に関係づけられることを示している。特異的対の相互作用を弱める設計に基づき大振幅ゆらぎがおくとそのままその方向に構造変化が実現するのであろう。

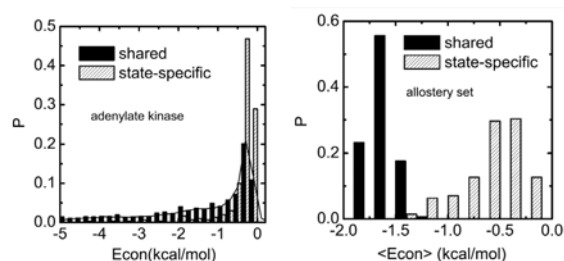


図 1 アロステリック蛋白質の共有対（黒）と特異的対（斜線）のアミノ酸対エネルギーの分布。

（左）アデニル酸キナーゼ。（右）個々のアロステリック蛋白質で計算した共有対と特異的対の値の平均値をもとめ、その平均値を 71 個の蛋白質についての確率分布で表した。

業績紹介：蛍光消光を利用した蛍光標識 1 本鎖抗体断片による抗原検出

芳坂貴弘

(北陸先端大マテリアル・A02 計画研究代表者)

論文題目：“Quenchbodies: Quench-based antibody probes that show antigen-dependent fluorescence”

著者：Ryoji Abe, Hiroyuki Ohashi, Issei Iijima, Masaki Ihara, Hiroaki Takagi, Takahiro Hohsaka, and Hiroshi Ueda

雑誌巻号：J. Am. Chem. Soc. **133**, 17386–17394 (2011).

タンパク質への蛍光基の導入は、その基質結合活性の検出などにおいて有用な手法である。その際、従来の化学修飾では、蛍光基を適切な位置へ付加することが困難なために、基質結合などを検出することは容易ではなかった。一方、我々は非天然アミノ酸の導入技術を用いて、蛍光標識された非天然アミノ酸をタンパク質へ部位特異的に導入することを可能にしている[1]。またその手法を用いて、マルトース結合タンパク質の基質結合部位近傍に蛍光標識アミノ酸を導入することで、基質結合に関与する Trp 残基による消光と、基質の結合による蛍光消光の解消によって、基質結合を蛍光変化として検出できることを示している[2]。

本研究では、この原理を 1 本鎖抗体断片 scFv について応用した。scFv は抗体の抗原結合部位 V_H ドメインと V_L ドメインをリンカーペプチドで連結したものであり、抗体と同様の抗原結合活性を示す。その N 末端部分に蛍光標識アミノ酸を導入した場合、抗原の結合に伴って、蛍光強度が増加する現象が観察された。これは、抗原非存在下では V_H と V_L の界面は揺らいであり、その隙間に蛍光基が入り込み、そこに存在する Trp 残基によって蛍光が消光されるが、抗原の結合によって V_H と V_L の界面の結合が安定化されて、蛍光基が溶媒中に露出し蛍光消光が解消されるためと考えられた。実際に蛍光寿命を比較したところ、抗原非存在下では蛍光消光に伴う短寿命成分が観測されるのに対し、抗原存在下ではその割合が大きく減少することが確認された。また、蛍光標識アミノ酸と V_H の間にグリシンとセリンからなるペプチドリンカーを挿入した場合、そのリンカー長に依存して蛍光変化量が異なることも確認された。これは、蛍光基の揺らぎも蛍光消光に大きく影響することを示している。

様々な抗体において V_H と V_L の界面には複数の Trp 残基が共通して存在することから、本手法は多様な抗原について適用可能であると予想される。実際に骨形成のバイオマーカーである BGP ペプチドの他に、Bisphenol A や Morphine 等の検出が可能であった。本手法は今後、基礎研究用ツールや臨床検査薬としての応用も期待される。

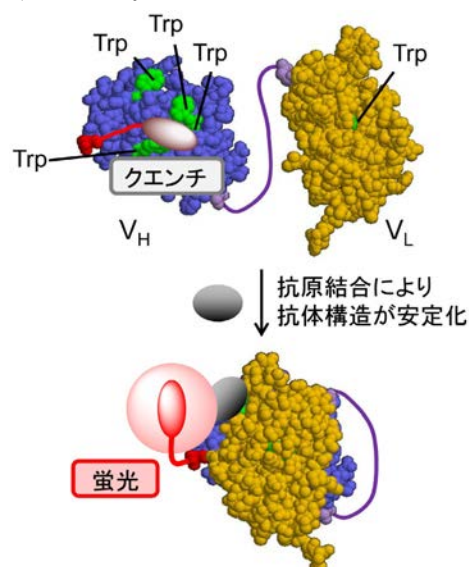


図1 抗原非存在下（上）では V_H と V_L の界面の Trp 残基によって蛍光が消光されるが、抗原結合時（下）は蛍光消光が解消される。

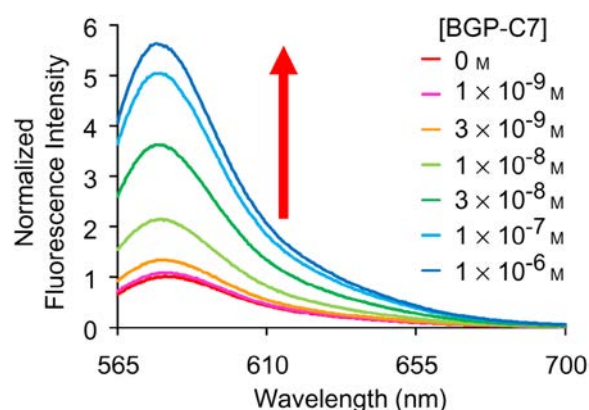


図2 抗 BGP scFv における抗原添加に伴う蛍光変化

参考文献

- [1] D. Kajihara et al., *Nature Methods* **3**, 923-929 (2006).
- [2] I. Iijima et al., *ChemBioChem* **10**, 999-1006 (2009).

業績紹介：チャネルタンパクの1分子計測 -構造機能相関の解明をめざして-

井出 徹

(光産業創成大学院大学／理研・班友)

論文題目：“Direct Manipulation of a Single Potassium Channel Gate with an Atomic Force Microscope Probe”

著者：Mitsunori Kitta, Toru Ide, Minako Hirano, Hiroyuki Tanaka, Toshio Yanagida, Tomoji Kawai

雑誌巻号： *Small* **7**(16), 2379-2383 (2011)

チャネルタンパクは、生体膜のイオン透過性を制御することによって、細胞の様々な機能をコントロールする「孔」である。この孔には、特定の刺激に応じてフタを開閉する「ゲート」機能が備えられている。単一チャネル電流計測法により、発現したゲート「機能」は詳細に解析されているが、その分子実体は未だに謎に包まれている。

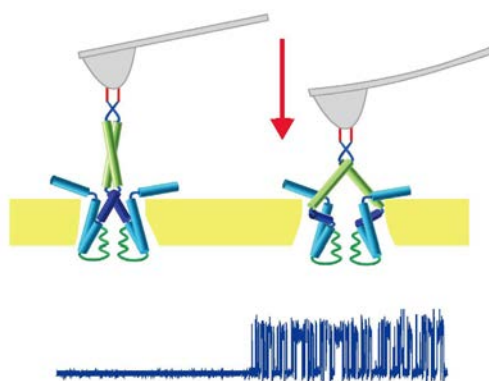
我々は、イオンチャネル1分子の開閉に伴う構造揺らぎと機能（電流）揺らぎの相関の解明を目指している。

これまでに、細菌のK⁺チャネル（KcsA）の細胞内ドメインがゲーティングに伴い構造変化することを示した[1, 2]。KcsAはpH依存的に活性化されるが、不活性条件下（pH～7）では細胞内ドメインは細胞内に大きく突き出した構造を取り、活性化（pH～4）されると膜に向かって潰れた構造となり、膜に接近（あるいは進入）すると考えられる。このことをより直截に証明するために、細胞内ドメインを直接操作することを試みた。

図にあるように、人工膜に再構成した KcsA チャネル1分子の活性（単一チャネル電流）を測定しながら、細胞内ドメインを AFM（原子間力顕微鏡）の探針を用いて力学操作できる実験系を開発した。

KcsA チャネルの細胞内ドメインを AFM の探針を用いて膜方向に押すと、不活性条件下にもかかわらず著しく活性化されることが分かった。探針を上下させることにより、活性化・不活性化を繰り返すことも可能であった。この結果は我々が提唱しているモデルともよく合うもので、力学刺激により細胞内ドメインの中間付近で屈曲が起り、それによりこの領域が（回転を伴って）拡がり、ポア領域を形成するヘリックスを引

くものと予想される。力学刺激時にもチャネルは完全に開状態にあるのではなく、開、閉状態を揺らいでいることから、力学刺激は不活性状態を安定化していると言われている分子内相互作用を切断しているのであろうと考えられる。



図： AFM 探針を用いて KcsA チャネルの細胞内領域を膜の方向に押すとゲートが活性化される。

ここで我々が開発した方法は、タンパク1分子を操作し機能変化を実時間で記録した初めての例であると思われる。この方法は、他のチャネルタンパクにも応用可能であると考えられ、チャネルタンパクの構造・機能相関研究に広く適用されるものと期待される。

参考文献

- [1] Hirano et al. (2010) *J Biol Chem* **285**, 3777-3783.
- [2] Hirano et al. (2011) *Biophys J* **101**(9), 2157-62.

シンポジウム報告

6th International Meeting on Biomolecules under Pressure

北原 亮

(立命館大学薬学部・A01 公募研究代表者)

標記の国際シンポジウムが滋賀県大津市の旧大津市公会堂で12月12日から16日まで開催されました。第6回シンポジウムは橘秀樹先生(近畿大学)を委員長に開催されました。第1回は赤坂一之先生により沖縄で開催され、これまでにドイツ、フランス、アメリカなどで毎年開催されてきました。会場は、昭和9年に建築された趣のある建物で(写真)、現在でも会議場やお洒落なレストランとして利用されており、窓からの琵琶湖の景色も最高でした。

シンポジウムのトピックスは下記の5点であり、いずれのセッションにおいても、教育セミナーと研究セミナーの構成になっていました。特に教育セミナーは、各専門家の先生方が、背景や理解の助けとなるようなイントロダクションを丁寧してくれたので、研究セミナーがより分かりやすく、活発な議論が見られました。

1. Revisiting Fundamentals of Volume, Compressibility and Expansivity
2. Exploring Energy Landscape and High-energy Conformers on Pressure Axis
3. Internal Hydration and Conformational Fluctuation in Proteins
4. Exploring Intermolecular Association on Volume and Pressure
5. Topics in Lipids and Membranes

国外からは、Royer(仏)、Kalbitzer(独)、Winter(独)、Makhatadze(米)、Garcia(米)らのグループが教員やポスドク、PhD コース学生とともに参加していました。私は、ライム病の感染に必須な蛋白質である Outer surface protein A (OspA)の高圧 NMR 研究について口頭発表を行い、領域課題の研究発表は学生がポスター発表にて行いました。また計画班の岡本グループからは森さんが口頭発表を行いました。ポスター発表者らも、

全員5分間のフラッシュトークがあり、学生にとっては英語発表の良い経験となったようです。

個人的に興奮していることは、複数の NMR 関係、高圧関係の研究グループが高圧力 NMR による蛋白質研究を開始したことです。赤坂と Kalbitzer のグループを除く多くのグループは、アメリカの J. Wand 氏開発の耐圧セラミックスセルを使用しています。赤坂や Kalbitzer らも独自にセラミックスセルの開発を進めており、今後は高圧力 NMR 法の汎用性が高くなることは間違いないでしょう。

第7回は、再び Royer(仏)を委員長としてフランスのモンペリエで開催される予定となりました。モンペリエは南仏の穏やかな地中海性気候で、中世の建物が多く残る風情ある街です。関連の先生方は是非ご参加ください。暖かい時期に開催されると良いのですが、、、



写真 旧大津市公会堂

領域事務担当の片岡幹雄氏が日本中性子科学会学会賞を受賞

寺嶋 正秀 (領域代表)

領域事務を担当されている片岡幹雄氏 (奈良先端科学技術大学院大学) が、日本中性子科学会の学会賞を受賞されました。本領域関係者の皆様とともに心からお祝いしたいと思います。

日本中性子科学会は、中性子科学の発展に著しく寄与した者の功績をたたえるため、功績賞、学会賞、奨励賞、技術賞の4つの賞を設け、毎年授与しており、今年が9回目になります。学会賞は、中性子科学の進歩発展に寄与し、その業績が顕著な者に対し授与されることになっています。日本中性子科学会による片岡幹雄氏の受賞理由は以下の通りです。

受賞課題: 中性子生物物理学 (中性子非弾性散乱による蛋白質の動力学的研究ならびに中性子結晶構造解析によるイェロープロテインの水素結合ネットワークの性質に関する研究)

授賞理由:

片岡幹雄氏は、我が国における中性子生物物理学の指導的立場にある研究者である。特に日本で本格的に中性子非弾性散乱を用いた蛋白質分子のダイナミクスの研究を開始し、世界に比肩するまで研究レベルを引き上げたことは特筆に値する。ここに至る業績を簡単に述べる。蛋白質の精度のよい中性子非弾性散乱スペクトルを測定し、基準振動解析と合わせて、この方法が蛋白質動力学解析の新しいツールとして利用できることを示した。蛋白質のボゾンピークの起源について、分子内の2次構造に由来する説を完全に否定し、分子

全体に広がったモードであることを明らかにした。さらに、水和によって蛋白質分子の調和的性質が硬くなり、かつこれが水和率に対し線形であることを明らかにした。また、蛋白質分子の動力学転移を詳細に解析することにより、動力学転移の水和率依存にきい値の存在することを明らかにした。また、きい値の起源を明らかにし、蛋白質機能と水和水ダイナミクスの関係を明らかにしている。中性子結晶解析によって、イェロープロテインの全912個の水素原子のうち849個を決定した。これにより水素結合網を詳細に検討し、発色団と特定のアミノ酸の間の特異な水素結合 (低障壁水素結合) を見出した。低障壁水素結合の発見は、タンパク質においては世界初である。また、この発見は、46番目のアミノ酸がプロトン化し発色団が脱プロトン化しているとするこれまでの説を完全に否定したため、この説に基づいていたこれまでの全ての実験結果の解釈の変更を求めるほどの大発見である。これまでの説に代わり、低障壁水素結合から通常の水素結合への緩和という光受容蛋白質の光反応初期過程の新しい生理学的プロセスを提唱した。さらにこの研究を進めるにあたって、1.5Å分解能という中性子解析での世界最高分解能を達成し、このデータとX線結晶構造解析データを併用した信頼性の高い分子構造精密化方法を提示した点も特筆される。

以上のように、片岡氏は中性子非弾性および弾性散乱を有効に使い、蛋白質分子の物性物理研究を推進し生理学的機能との関連を提示した。これは中性子科学の進歩発展に大きく寄与し、これらの業績は日本中性子科学会「学会賞」に値する。



授賞式で金谷中性子科学会会長と片岡氏



学会賞メダル

加藤晃一教授が第 48 回（2011 年度）ベルツ賞を受賞

植草義徳

（岡崎統合バイオサイエンスセンター・博士研究員）

本新学術領域研究の計画研究代表者で、分子科学研究所・岡崎統合バイオサイエンスセンター（名古屋市立大学大学院薬学研究科兼務）の加藤晃一教授らが第 48 回（2011 年度）ベルツ賞（1 等賞）を受賞しました。このベルツ賞は、日本とドイツの間の歴史的な医学関係を回顧し、また両国間の交流関係をさらに深めていく目的で 1964 年にドイツの製薬会社ベーリンガーインゲルハイムが設立した賞であり、日本の近代医学の発展に大きな功績を残したドイツ人医師ベルツ博士な名を冠して名付けられました。毎年常任委員会の定めるテーマについての医学論文を募集し、優秀な論文に対して授与されます。第 48 回（2011 年度）の募集テーマは「アルツハイマー病」でした。

アルツハイマー病発症に関与するアミロイドβ (Aβ) の重合（線維化）は、神経細胞の表層に存在する糖脂質 GM1 ガングリオシドクラスターとの相互作用を契機として促進されます。加藤教授らは、超高磁場 NMR を用いた分子レベルでの研究により、GM1 クラスター存在下における Aβ の初期構造変化の詳細を捉えることに成功し、Aβ の線維化メカニズムを解明する上で重要な知見を与えました。本研究の成果は、アルツハイマー病の予防・治療薬の開発だけでなく、パーキンソン病などの神経変性疾患の病態解明にも繋がる期待されます。こうした知見をまとめた「アミロイド蓄積開始機構の解明と治療薬開発への展開」が受賞論文として選ばれ、柳澤勝彦 独立行政法人国立長寿医療研究センター認知症先進医療開発センター長、松崎勝巳 京都大学薬学研究科教授と共同で受賞しました。

授与式は 2011 年 11 月 25 日にドイツ大使公邸において行われました。



ドイツ大使公邸での受賞式の様子



ベルツ賞受賞メダル

石井班員の共同研究者・乙須拓洋博士が分子科学会優秀講演賞を受賞

石井邦彦

(理研田原分子分光・A01 公募研究代表者)

平成 23 年 9 月 20 日（火）から 23 日（金）まで、札幌コンベンションセンターで開催された第 5 回分子科学討論会において、筆者の共同研究者である乙須拓洋さん（理化学研究所田原分子分光研究室・特別研究員）が、分子科学会優秀講演賞を受賞しました。毎年秋に開催される分子科学討論会では、口頭講演およびポスター講演において優秀な発表を行った分子科学会会員の若手研究者に対して「優秀講演賞」と「優秀ポスター賞」の選考が行われます。今回 10 名の優秀講演賞受賞者が決定され、乙須さんも見事にその一員に選ばれました。

乙須さんの受賞講演タイトルは「二次元蛍光寿命相関分光で観る蛋白質自発ゆらぎ：シトクロム c のマイクロ秒構造転移ダイナミクス」です。私たちは本新学術領域の支援を得ながら、生体分子の揺らぎを観る新しい分光計測法の開発に取り組んできました。最近報告した蛍光寿命相関解析法は原理的にサブマイクロ秒の時間分解能で生体分子の自発揺らぎを計測できる優れた測定法です。乙須さんはこの方法を応用した研究の対象として、蛋白質の折れ畳みの問題に着目しました。折れ畳み研究のモデル蛋白質であるシトクロム c を取り上げ、酸性変性条件下で現れる変性中間体が天然状態・完全変性状態の間でどのような時間スケールで構造転移しているのかを調べるという研究テーマです。このためにまずシトクロム c の C 端領域のシステイン残基に Alexa546 を結合させ、ヘムへの蛍光共鳴エネルギー移動（FRET）を Alexa546 の蛍光寿命の変化として検出する実験系をデザインしました。蛍光寿命の値が蛋白質の構造転移に伴って揺らぐ様子を相関関数として計測することで、マイクロ秒スケールの構造転移ダイナミクスの描像を得るというアプローチです。乙須さんは測定上の種々の問題を一つ一つ解決しながら実験条件を最適化し、数日間のデータ積算の末、酸性変性条件下でシトクロム c が数マイクロ秒の特定数で構造転移を示すという結果を得ました。さらに観測された転移の帰属を行うため、このデータに二次元蛍光寿命相関解析を適用し、異なる蛍光寿命をもつ状態



乙須 拓洋さん

間の平衡化過程を詳細に検討しました。その結果、マイクロ秒オーダーのダイナミクスは天然状態と変性中間体との間の転移を表していることなどを明らかにし、この分子の構造転移ダイナミクスの新しいモデルを提案することができました。

新規分光法の開発に重点をおいて研究している私たちのグループの中で、これまで原理検証段階にとどまっていた先端的な計測法を乙須さんが実際の生体機能との関連上重要な問題に適用し、独創的な結論を得たことが今回の受賞の評価につながったものと考えています。両者の橋渡しをすることは本新学術領域の重要な目標の一つになると思われます。研究内容も分子の揺らぎと生体機能の連関を追究するという本領域の中心テーマに強く関わっており、今後領域の他の先生方との交流を通してさらに研究を発展させていけるものと期待しています。最後になりますが、共同研究者としてこの場を借りて本新学術領域のご支援と先生方のご指導に厚く御礼申し上げます。

上岡班員の研究成果が新聞に掲載される

A03 班、計画研究代表者の上岡龍一教授グループの研究の成果が熊本日新聞（12 月 19 日）に掲載されました。

平成 23 年 (2011 年) 12 月 19 日 月曜日

熊 本 日 新 聞

崇城大生物生命学部の上岡龍一教授（前列中央）と研究室の教員、大学院生ら＝熊本市



崇城大生物生命学部の応用生命科学科の上岡龍一教授は、副作用のないがん治療薬として期待される人工細胞膜「ハイブリッドリボソーム」(HL)を1985年に開発した。HLの有効性は上岡教授の研究室で証明され、新薬開発に向けた臨床試験が東京や熊本の病院などで続けられている。

HLには、がん細胞などを自然死(アポトーシス)に導く効果があり、その仕組みの研究は文部科学省の「揺らぎと生体機能」という新学術研究領域に分類される。この分野では、京都大や奈良先端科学技術大学院大学が共同研究を進めており、米科学誌「サイエンス」でも今年紹介された。

・ Labo ラボ

研究室はHLに加え、さまざまな物質の制がん効果も調べている。同学科の2、3年生と合同で行った細胞レベルの実験でトマトやゴーヤー、茶の抽出成分が、がん細胞の増殖抑制に有効であることを確認。今後も検証を続けるという。

研究室は約50人の大所帯。上岡教授は「人の命に関わる研究に携わる以上、高いモラルを持った研究者になってほしい」と学生に注文する。HLのがん転移抑制効果を研究テーマとする大学院博士後期課程2年の北島英樹さん(27)は「先生からは技術や理論だけでなく、実験などに謙虚に取り組む大切さなど、研究者に必要な姿勢も教わっている」と話す。(隅川俊彦)

崇城大・上岡龍一教授の研究室

副作用ないがん治療薬研究