

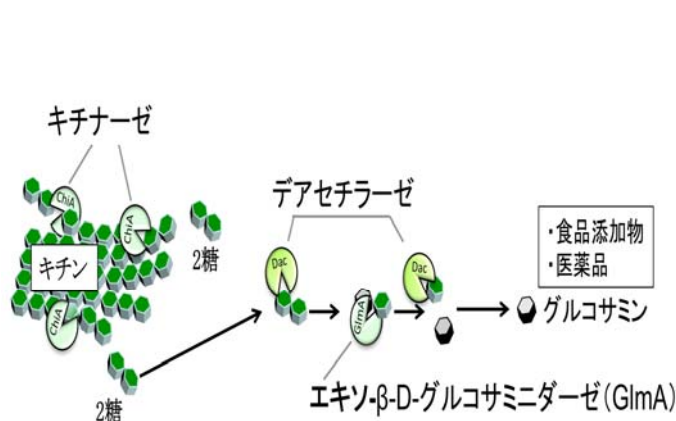


## エキソ-β-D-グルコサミニダーゼの基質認識機構と分子進化を解明 ーグルコサミンの高生産化に寄与することが期待されるー

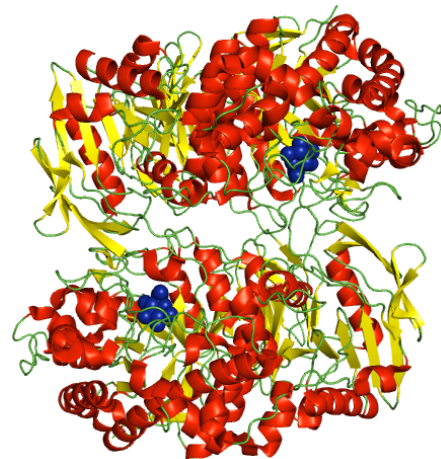
九州大学大学院薬学研究院の阿部義人准教授、植田正教授、産業技術総合研究所生命工学領域バイオメディカル研究部門の峯昇平博士らの共同研究グループは、軟骨の成分で知られているグルコサミンを生成するエキソ-β-D-グルコサミニダーゼ (GlmA) の立体構造を明らかにし、これまでアミノ酸配列情報からだけでは不明であった活性部位を特定し、GlmA がなぜグルコサミンを生成できるのかを明らかにしました。また、GlmA の立体構造が別酵素であるガラクトシダーゼに似ていることを示した為、これらのガラクトシダーゼが古細菌由来の GlmA から分子進化した可能性のある事が分かりました。

好熱性古細菌(※1)由来の GlmA は、キチナーゼやデアセチラーゼと共にバイオマス資源であるキチン(エビやカニの甲羅の構成成分)をグルコサミンまでに分解する糖質分解酵素群の1つであり(図1)、100℃でも安定な酵素です。最終生成物のグルコサミンは食品添加物、医薬品に利用されており、その産業応用が期待されています。これらの結果から、酵素機能変換によりキチン分解反応の効率を高め、今後のグルコサミンの高生産化に寄与することが期待されます。

本研究成果は、3月24日(金)に米国の国際学術誌『The Journal of Biological Chemistry』に掲載されました。



(図1) 好熱性古細菌のキチン代謝経路



(図2) *Thermococcus Kodakarensis* 由来のエキソ-β-D-グルコサミニダーゼ (GlmA) と基質グルコサミン(青)との複合体の結晶構造 (PDBID: 5GSM)。

**研究者からひとこと：**酵素の立体構造を解くことで、活性部位、基質の配置、分子進化などの情報が得られます。また、この立体構造を元に、医薬品原料等の創生に有益な酵素のデザインにつながる可能性もあります。

### 【用語解説】

(※1) 好熱性古細菌：古細菌は真性細菌、真核生物とともに生物界を三分する生物グループである。

古細菌には熱水噴出孔など高温の環境で生息する種類もあり、そのような菌の内部で働く酵素は一般的に熱に強く安定である。そのため酵素の研究に使われることも多い。

【お問い合わせ】 大学院薬学研究院 准教授 阿部義人

電話 092-642-6663 Fax 092-642-6667

Mail: [abe@phar.kyushu-u.ac.jp](mailto:abe@phar.kyushu-u.ac.jp)