



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Molecular Basis of Ice-binding Mechanism of Microbial Antifreeze Proteins [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	Khan, Nour Md Mofiz Uddin
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(生命科学)
Dissertation Number	甲第14606号
Issue Date	2021-06-30
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/82755
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/
Type	doctoral thesis
File Information	NM_Mofiz_Uddin_Khan_review.pdf, 審査の要旨



学 位 論 文 審 査 の 要 旨

博士の専攻分野の名称 博士 (生命科学) 氏 名 Nour Md Mofiz Uddin Khan

審査担当者	主査	客員准教授	近 藤 英 昌
	副査	客員教授	津 田 栄
	副査	教 授	相 沢 智 康
	副査	准教授	尾 瀬 農 之

学 位 論 文 題 名

Molecular Basis of Ice-binding Mechanism of Microbial Antifreeze Proteins
(微生物由来不凍タンパク質の氷結晶結合メカニズムの分子基盤)

博士学位論文審査等の結果について (報告)

不凍タンパク質は氷結晶に特異的に結合しその成長を抑制する。これまでに様々な種類の不凍タンパク質が低温環境下に生息する魚類、節足動物、微生物から見出されている。このことから不凍タンパク質は低温環境への適応に関与していると考えられている。不凍タンパク質の中でも菌類や細菌などの多様な微生物から産出される不凍タンパク質は共通した分子構造を有している。一方、氷結晶への親和性や結合する氷の結晶面については大きな違いがあることが知られているが、その分子機構は理解が進んでいない。本論文では、好冷性担子菌イシカリガマノホタケが産出する不凍タンパク質を対象として、不凍機能と分子構造の解析によって氷結晶への結合機構を明らかにすることを目的とした。イシカリガマノホタケ不凍タンパク質には、アミノ酸配列がわずかに異なる複数の不凍タンパク質アイソフォームが存在する。本論文ではそれらのアイソフォームの不凍機能を解析するとともにX線結晶構造解析を行なった。その結果、不凍タンパク質の氷結晶に結合する部位には構造化した水和水が存在することがわかった。これらの水和水は氷結晶の構造に類似した水素結合ネットワークを形成している。また、このネットワークの広がりはそれぞれのアイソフォームの不凍機能と関連性があることがわかった。具体的には、氷結晶の基底面に対する親和性が高いアイソフォームはより広範囲にわたる水素結合ネットワークを形成していることが明らかとなった。さらに、氷結晶結合部位に存在する疎水性アミノ酸残基の周辺には、疎水性水和水によって構造化した水和水が存在することが明らかとなった。このことからこれらの水和水の脱水和によって氷結晶への結合が促進されていることが示唆された。本論文で得られた結果は、不凍タンパク質は水和水を介して氷結晶と結合するというモデルを支持するとともに、不凍タンパク質は水和水の構造を規定するための足場の役割を担っていることを明らかにした。これらの知見は微生物由来不凍タンパク質の分子進化の解明や、不凍タンパク質の機能改良、あるいは分子模倣による新規不凍物質の創出に寄与すると考えられる。

これを要するに、著者は、微生物由来不凍タンパク質について氷結晶結合機構と分子進化に関する新知見を得たものであり、生物の低温環境適応の獲得の構造基盤の解明に対して貢献するところ大なるものがある。

よって著者は、北海道大学博士 (生命科学) の学位を授与される資格あるものと認める。