

科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成24年 5月15日現在

機関番号：11301

研究種目：基盤研究（B）

研究期間：2008～2011

課題番号：20350073

研究課題名（和文）マベ真珠アラゴナイトナノ結晶配向制御機構の解明とフォトニック機能材料創製への応用

研究課題名（英文）Molecular mechanism of aragonite crystal formation by proteins from *Pteria penguin* pearl shell, and its application to the development of functional materials

研究代表者

小川 智久 (OGAWA TOMOHISA)

東北大学・大学院生命科学研究所・准教授

研究者番号：80240901

研究成果の概要（和文）：

マベガイ(*Pteria penguin*)の真珠層アラゴナイト結晶形成に関わるタンパク質、26kDa ADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質 (ARTL26P) およびジャッカリン様レクチンのバイオミネラル化機能を明らかにした。2種の ARTL26P、HSC2 および HSC3 (ART26P-1 および ART26P-2 と命名) は4アミノ酸残基のみが異なるが、炭酸カルシウム結晶化反応において、ART26P-2 (HSC3) が結晶核形成を促進(結晶数増加)するのに対して、HSC2 は結晶形態を制御し、それぞれ異なる分布動態と機能をもつことがわかった。また、ART26P-2 のみではカルサイトを形成するが、ART26P-1 と ART26P-2 両者の存在下でアラゴナイトを形成することが判明した。

一方、ジャッカリン様レクチン PPL2A, PPL2B, PPL3 および PPL4 のバイオミネラル化機能について、PPL2A がアラゴナイト様結晶形成促進作用を示し、結晶粒界面に分布するのに対して、PPL3 は結晶形成を制御(抑制)することがあきらかになった。

研究成果の概要（英文）：

Novel 26 kDa ADP ribosyl transferase-like proteins (ARTL26Ps) and Jacalin-related lectins (JRLs) were isolated from the mantle of *Pteria penguin* pearl shell. To investigate the molecular mechanisms of ARTL26Ps in biomineralization, we achieved *in vitro* crystal growth experiments using fluorescent-labeled ARTL26P-1 and -2, resulting these two proteins showed the different distribution and functions although their primary sequences were identical except for only 4 amino acids. ARTL26P-2 promoted the nucleation and increased the number of crystals, while ARTL26P-1 regulated the morphologies of CaCO₃ crystals. Thus the ART-like 26 kDa proteins regulate the aragonite crystal formation via nucleation and growth of aragonite crystals in *P. penguin* nacre shell. On the other hand, JRLs showed the sequence similarities, interestingly they had quite different carbohydrate binding specificities. Furthermore, CaCO₃ crystallization *in vitro* indicated that PPL2A affected on the biomineralization of *Pteria penguin* with increasing crystals, while PPL3 inhibited the crystallization.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2008年度	8,600,000	2,580,000	11,180,000
2009年度	2,100,000	630,000	2,730,000
2010年度	2,100,000	630,000	2,730,000
2011年度	2,300,000	690,000	2,990,000
年度			
総計	15,100,000	4,530,000	19,630,000

研究分野：化学,

科研費の分科・細目：複合化学, 生体関連化学,

キーワード：バイオテクノロジー, バイオミネラル化

1. 研究開始当初の背景

ナノテクノロジー分野で従来の半導体加工技術に代表される“トップダウン法”に対して、近年自己組織化・自己集積化する原子や分子を用いてナノ構造体を構築する“ボトムアップ（ビルドアップ）法”が注目されている。特に、生物が創り出す硬組織化「バイオミネラリゼーション」において、例えば液晶素子にも応用可能なクモヒトデの一種であるブリトルスターの光受容体中のマイクロレンズアレイ構造や円石藻ココリスのつくる微細な構造体など、機能性ナノ構造体の構造を厳密に制御する“ビルドアップ型ナノテクノロジーのシステム”が存在し、これら「バイオミネラリゼーション」の特性を利用あるいは模倣して新規の機能性ナノ材料を作製する試みがおこなわれている。

真珠層は、炭酸カルシウムの一つの結晶型であるアラゴナイトの平板状ナノ結晶と有機マトリックス成分が緻密に積層してできた有機-無機ナノコンポジットであるが、高い構造強度と干渉作用による真珠光沢にみられるように可視光域のフォトニック結晶となる。近年、アコヤガイやアワビなどの真珠アラゴナイト、カルサイトから有機マトリックス成分として様々なタンパク質が単離・構造決定されており、それらのカルシウム結合能やin vitroでの結晶成長阻害など一部機能について明らかにされている。しかしながら、真珠バイオミネラリゼーションのメカニズムは未だ不明な点が多く、アラゴナイト『有機-無機ナノコンポジット』フォトニック結晶の再構成などナノ構造体の精密な構造制御は未だ成功していない。

申請者らはこれまで、マベガイ真珠アラゴナイト結晶の光学特性および材料特性について、分光測色計を用いた分光反射率測定、X線回折装置による結晶配向性評価、走査型および透過型電子顕微鏡を用いた結晶構造の解析を行った。その結果、真珠の個体品質によってアラゴナイト結晶配向性が異なることを示し、X線回折法による(111)極点図から結晶配向性の定量化に成功した(Yoshimiら *Mat. Trans.*, **45**, 999-1004 (2004), 吉見ら特願 2004-305646号)。また、結晶配向性とサイズ、厚さおよび光学特性(反射分光曲線)に相関があることを見いだした。

一方、マベガイ外套膜分泌液からアラゴナイト結晶形成に関わるタンパク質成分の解析をおこない(Naganumaら *Mol. Div.*, **10**, 607-618(2006))、他の真珠貝にはない新たなバイオミネラリゼーションに働くタンパク質としてジャカリン様レクチンや、26 kDa ADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質がアラゴナイト結晶形成に関与することを明らかにした。また、これらの一次構造についてもすでに明らかにしている。

2. 研究の目的

本研究では、マベガイバイオミネラリゼーションに関わるジャカリン様レクチンおよび26 kDa ADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質の立体構造と機能、アラゴナイト結晶形成反応での動態を明らかにし、結晶の3軸配向性を制御しているメカニズムをはじめマベガイ真珠バイオミネラリゼーションの機構を解明する。さらに、「タンパク工学」で結晶の3軸配向性や厚さ特性を制御し新規機能材料の創製を目指す。

3. 研究の方法

(1)マベガイマトリックスタンパク質、ジャカリン様レクチンの自己組織化およびバイオミネラリゼーション反応解析

マベガイ外套膜ジャカリン様レクチンPPL2A, PPL2B, PPL3 および PPL4 を精製後、自己組織化およびバイオミネラリゼーション反応を(1)それぞれ蛍光標識(多重蛍光標識)したサンプルをもちいて結晶化をおこない、蛍光顕微鏡システムにより観察した。

(2)マベガイ 26 kDaADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質のバイオミネラリゼーション反応解析

ジャカリン様レクチンと同様に、マベガイ外套膜より 26 kDaADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質を精製後、バイオミネラリゼーションにおける動態反応を①それぞれ蛍光標識(多重蛍光標識)したサンプルをもちいて結晶化をおこない、蛍光顕微鏡システムにより観察した。また、②生成した炭酸カルシウム結晶の微細構造、および構造変化を顕微ラマン分光により解析し、明らかにする。ラマン分光では、カルサイトおよびアラゴナイト結晶系に特異的な構造に着目し測定した。

(3)マベガイ外套膜ジャカリン様レクチンおよび26 kDaADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質の立体構造解析

マベガイ外套膜ジャカリン様レクチンタンパク質および 26 kDa ADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質の立体構造を X 線構造解析により明らかにする。そのため、それぞれのタンパク質の結晶化条件の探索を行い、高分解能での X 線構造解析に適した結晶を得る。得られた結晶をもちいて、放射光施設で X 線露光実験を行い、データを取得した。

(4) マベガイマトリックスタンパク質のタンパク質工学による機能解析

4. 研究成果

(1) マベガイマトリックスタンパク質、ジャカリン様レクチンの自己組織化およびバイオミネラリゼーション反応解析

マベガイ外套膜ジャカリン様レクチン PPL2A, PPL2B, PPL3 および PPL4 を精製後、自己組織化およびバイオミネラリゼーション反応をそれぞれ蛍光標識（多重蛍光標識）したサンプルをもちいて結晶化をおこない、蛍光顕微鏡システムにより観察した。

(2) マベガイ 26 kDaADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質のバイオミネラリゼーション反応解析

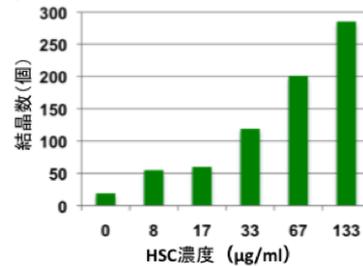
ジャカリン様レクチンと同様に、マベガイ外套膜より 26 kDaADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質を精製後、バイオミネラリゼーションにおける動態反応を ①それぞれ蛍光標識（多重蛍光標識）したサンプルをもちいて結晶化をおこない、蛍光顕微鏡システムにより観察した。また、②顕微ラマン分光により、生成される炭酸カルシウム結晶の微細構造、および構造変化を解析し明らかにする。ラマン分光では、カルサイトおよびアラゴナイト結晶系に特異的な構造（波数 1630 cm^{-1} , 1063 cm^{-1} , 856 cm^{-1} ）に着目し測定した。マベガイ外套膜分泌液から 2 段階の陽イオン交換クロマトグラフィーで精製した 26 kDaADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質、HSC-2 および HSC-3（3 アミノ酸残基のみ異なる）を 2 種の異なる蛍光標識試薬で修飾し、多重蛍光標識による反応追跡を倒立蛍光顕微鏡システムでおこなった。

図 1 に 26 kDaADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質（HSC）の炭酸カルシウム結晶の数および結晶形（結晶系）に与える影響について示した。その結果、26 kDaADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質の濃度依存的に結晶数が増加することがわかった（図 1 a）。さらに、26 kDaADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質濃度依存的にアラゴナイト様の結晶割合が増えることが明らかとなった（図 1 b）。

また、興味深いことに HSC-2 は結晶中心部

に分布して核形成に働くのに対して、HSC-3 は、結晶の周辺部に分布して形態制御に働き、2つのイソタンパク質が異なるバイオミネ

(a) 結晶の数



(b) 結晶の形

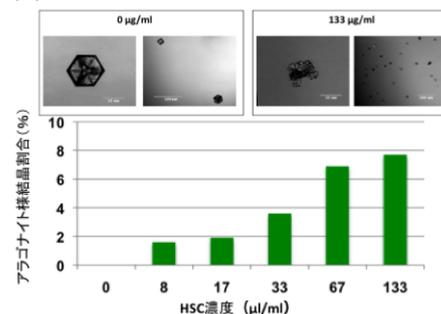
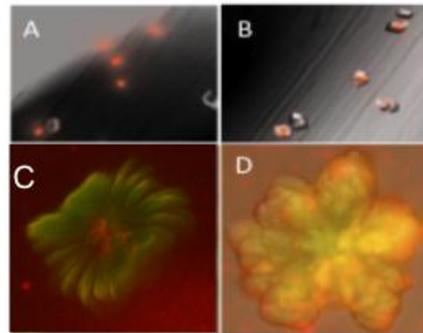


図 1 マベガイ 26kDa ADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質の炭酸カルシウム結晶化に及ぼす影響 (a) 結晶数, (b) 結晶形態

(A) 蛍光顕微鏡



(B) 顕微ラマン分光

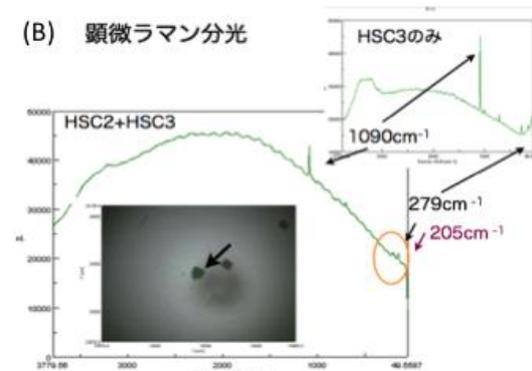


図 2 蛍光標識した 2 種の 26kDa タンパク質の動態 (A) および顕微ラマン分光による解析 (B)

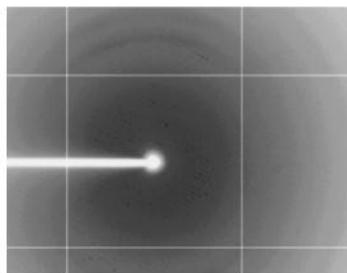
ラリゼーション機能をもつことが判明した (図 2A)。また、顕微ラマン分光による解析では、HSC-2 あるいは HSC-3 のみではカルサイトを形成するのに対して、HSC-2 と HSC-3 の両者が存在する場合にはアラゴナイトが優先的に形成されることも判明した (図 2B)。

(3) マベガイ外套膜ジャカリン様レクチンおよび 26 kDaADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質の立体構造解析

マベガイ外套膜分泌液から 2 段階の陽イオン交換クロマトグラフィーにて精製した 26P-1 (HSC2) と 26P-2 (HSC3) についてタンパク質結晶化条件探索を行い、1 条件で 26P-1 のタンパク質結晶を得た。ついで放射光施設で X 線露光実験を行い 3.0 Å 分解能のデータの取得に成功した (図 3)。しかし、最も近縁な既知構造であるラットの mono-ADP-ribosyltransferase (配列一致度 17%) を用いた分子置換法では、構造決定することができなかった。これは、まだ分解能が 3.0 Å と十分でないことと、既知構造との配列一致度が 17% と低過ぎることが原因と考えられた。また、ホモロジーモデルした構造を用いた構造解析を試みたが、R 値が低下せず、構造モデル作成には至っていない。

一方、ジャカリン様レクチン PPL2A の X 線構造解析についても、結晶化後、放射光施設で X 線露光実験を行い 3.5 Å 分解能でのデータ取得に成功した。まだ、得られたタンパク質結晶が小さいためか、構造決定に十分な分解能ではない。その他にマベガイレクチン PPL-1 と相同性をもつ CSL3 の立体構造を X 線構造解析によりはじめて明らかにした。

図 3 26P-1 の放射光による X 線露光



(4) マベガイマトリックスタンパク質のタンパク質工学による機能解析

26kDaADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質のリコンビナント発現系構築のため、His タグ融合タンパク質 pET ベクター系をはじめとする市販のベクター (pET, pGEX)、さらに毒タンパク質の機能発現に応用があるガレクチン融合タンパク質発現系ベクター (Set et al., *Prot. Exp. Purif.*, 58 (2), 194-202.) をもちいて発現したが、26kDa タンパク質の細胞毒性 (ADP リボシルトランスフェラーゼ活性によるポリペプチド鎖伸張因

子への作用) のため、変異や塩基の欠失が起こり、全長を含むリコンビナントを得ることができなかった。これは、宿主として耐毒性をもつ BL21 (C41) 株などでも同様であった。

また、ジャカリン関連レクチンについても、まだリコンビナント発現に成功していないが、PPL-1 と相同性を示す魚類卵レクチンファミリーである CSL1 の糖鎖認識ドメイン部分の His タグをもちいた大腸菌での大量発現に成功した。

5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 11 件)

1. T. Ogawa, M. Watanabe, T. Naganuma, K. Muramoto, Diversified Carbohydrate-binding Lectins from Marine Resources *J. Amino Acids*, 2011, ID 838914 (2011). 査読有 [招待論文]
2. A. Konno, A. Kitagawa, M. Watanabe, T. Ogawa, T. Shirai Tracing Protein Evolution through Ancestral Structures of Fish Galectin *Structure* 19 (5), 711-721 (2011). 査読有 [本論文は Faculty of 1000 (F1000) に選ばれた。]
3. Konno, A., Yonemaru, S., Kitagawa, A., Muramoto, K., Shirai, T. and Ogawa, T. Protein engineering of conger eel galectins by tracing of molecular evolution using probable ancestral mutants. *BMC Evolutionary Biology* 2010, 10:43doi:10.1186/1471-2148-10-43 査読有
4. Watanabe, Y., Tateno, H., Nakamura-Tsuruta, S., Kominami, J., Hirabayashi, J., Nakamura, O., Watanabe, T., Kamiya, H., Naganuma, T., Ogawa, T., Naud, R. J., Muramoto K. (2009) The function of rhamnose-binding lectin in innate immunity by restricted binding to Gb3. *Dev. Comp. Immunol.*, 33, 187-197. 査読有
5. Ohizumi, Y., Gaidamashvili, M., Ohwada, S., Matsuda, K., Kominami, J., Nakamura-Tsuruta, S., Hirabayashi, J., Naganuma, T., Ogawa, T., Muramoto K. (2009) Mannose-binding lectin from yam (*Dioscorea batatas*) tubers with insecticidal properties against *Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae). *J. Agric. Food Chem.*, 57(7), 2896-2902. 査読有
6. Shirai, T., Watanabe, Y., Lee, M.-S., Ogawa, T., Muramoto K. (2009) Structure of Rhamnose-binding Lectin CSL3: Unique Pseudo-tetrameric Architecture of a Pattern Recognition Protein. *J. Mol. Biol.*, 391 (2), 390-403. 査読有
7. Konno A, Suzuki Y, Ogawa T, Taniuchi T. (2009) Irradiation Promotes the Accumulation of Triglyceride in *Lipomyces lipofer*. *Biosci. Biotech. Biochem.* 73, 2474-2477 (2009). 査読有
8. Watanabe, Y., Abolhassani, M., Tojo, Y., Suda, Y., Miyazawa, K., Igarashi, Y., Sakuma, K., Ogawa, T., Muramoto K. Evaluation of silica gel-immobilized phosphorylcholine columns for

size exclusion chromatography and their application in the analysis of the subunit structures of fish-egg lectins. *J. Chromatography A*, 1216 (48), 8563-8566 (2009). 査読有

9. Seto, M., Ogawa, T., Kodama, K., Muramoto, K., Kanayama, Y., Sakai, Y., Chijiwa, T. and Ohno, M. (2008) A novel recombinant system for functional expression of myonecrotic snake phospholipase A₂ in *Escherichia coli* using a new fusion affinity tag. *Protein Expression and Purification*, 58 (2), 194-202. 査読有

10. Watanabe, Y., Shiina, N., Shinozaki, F., Yokoyama, H., Kominami, J., Nakamura-Tsuruta, S., Hirabayashi, J., Sugahara, K., Kamiya, H., Matsubar, H., Ogawa T. and Muramoto K. (2008) Isolation and characterization of L-rhamnose-binding lectin, which binds to microsporidian *Glugea plecoglossi*, from ayu (*Plecoglossus altivelis*) eggs. *Dev. Comp. Immunol.*, 32, 487-499. 査読有

11. Matsubara, H., Hayashi, T., Ogawa, T., Muramoto, K., Jimbo, M., and Kamiya, H. (2008) Modulating effect of acorn barnacle C-type lectins on the crystallization of calcium carbonate. *Fish. Sci.*, 74, 418-424. 査読有

[学会発表] (計 24 件)

1. 小川智久, 佐藤紗保, 佐藤理恵, 鹿内之寛, 永沼孝子, 村本光二, 尾定 誠, 吉見享祐, マベガイ真珠由来ジャッカリン関連レクチンによるアラゴナイト結晶の制御 第 5 回東北糖鎖研究会, 2011 年 12 月 9 日, 仙台.

2. 小川智久, タンパク質によるアラゴナイト結晶形成制御: 真珠バイオミネラルリゼーションから学ぶ 日本化学会東北支部ナノマテリアルコロキウム, 2011 年 9 月 17 日, 仙台 [招待講演]

3. T. Ogawa, M. Watanabe, A. Konno, K. Muramoto, T. Shirai, Reconstruction of ancestral forms and the evolutionary history of fish galectins reveal their rapid adaptive evolution process, Interlec24, Brisbane, Australia, July 28, 2011.

4. M. Watanabe, O. Nakamura, K. Muramoto, T. Ogawa, Congerin P is a new type of galectin that modulated carbohydrate binding activity by mannose, Interlec24, Brisbane, Australia, July 28, 2011.

5. 佐藤紗保, 佐藤理恵, 鹿内之寛, 永沼孝子, 村本光二, 尾定 誠, 吉見享祐, 小川智久, マベガイ由来ジャッカリン関連レクチンの真珠バイオミネラルリゼーション機構の解析, 第 30 回日本糖質学会, 2011 年 7 月 12 日, 長岡

6. 小川智久, 真珠の輝きの秘密: タンパク質による真珠アラゴナイト結晶および配向性の制御, 応用数学連携フォーラム第 20 回ワ

ークショップ, 2011 年 6 月 29 日, 仙台

7. 佐伯友理・永沼孝子・吉見享祐・村本光二・小川智久, マベガイ由来 TIMP 様タンパク質は足糸線維構造を形成する, フロンティア生命化学研究会シンポジウム 2011, 平成 23 年 1 月 7 日, 東北大学, 仙台

8. 小川智久, 荒川香織, 堀田俊英, 永沼孝子, 村本光二, 渡辺精一, 谷内哲夫, 吉見享祐, マベガイ ADP リボシルトランスフェラーゼタンパク質による真珠アラゴナイト形成機構の解析, 第 33 回日本分子生物学会年会/第 83 回日本生化学会大会合同大会, 平成 22 年 12 月 7-10 日, 神戸ポートアイランド

9. 佐伯友理, 永沼孝子, 吉見享祐, 村本光二, 小川智久, マベ貝 (*Pteria penguin*) 足糸由来線維タンパク質の大腸菌による発現と機能解析, 第 33 回日本分子生物学会年会/第 83 回日本生化学会大会合同大会, 平成 22 年 12 月 7-10 日, 神戸ポートアイランド

10. 小川智久, 荒川香織, 堀田英俊, 永沼孝子, 村本光二, 渡辺精一, 白石孝信, 尾定 誠, 谷内哲夫, 吉見享祐, 2 種の ADP リボシルトランスフェラーゼ様タンパク質によるマベガイ真珠アラゴナイト形成制御の分子機構, 第 5 回バイオミネラルリゼーションワークショップ, 平成 22 年 11 月 6 日, 東京大学農学部

11. 堀田俊英, 荒川香織, 佐伯友理, 永沼孝子, 村本光二, 谷内哲夫, 吉見享祐, 小川智久, マベガイ真珠タンパク質によるアラゴナイト結晶形成の解析, 日本農芸化学会 東北支部・北海道支部合同支部大会, 平成 22 年 9 月 27 日, 東北大学農学部

12. 小川智久, 荒川香織, 堀田英俊, 永沼孝子, 村本光二, 渡辺精一, 白石孝信, 尾定 誠, 谷内哲夫, 吉見享祐, タンパク質による真珠バイオミネラルリゼーション制御の分子メカニズム, 平成 22 年度化学系学協会東北大会, 平成 22 年 9 月 25-26 日, 岩手大学工学部 [優秀ポスター賞受賞]

13. T. Ogawa, A novel recombinant system for efficient expression of unstable proteins using a new fusion affinity tag and high-performance cleaving enzyme 第 3 回タンパク質-ペプチド会議, 平成 22 年 3 月 22 日中国, Beijing International Convention Center [招待講演]

14. 小川智久, 荒川香織, 永沼孝子, 吉見享祐, 渡辺精一, 白石孝信, 谷内哲夫, 村本光二, 尾定誠, マベガイ真珠バイオミネラルリゼーションに関わる ADP リボシルトランスフェラーゼの機能第 4 回バイオミネラルリゼーションワークショップ, 平成 21 年 12 月 13 日, 東京大学農学部 弥生講堂

15. 白井剛, 小川智久, 渡邊康春, 李燮敏, 村本光二, 魚類卵由来ラムノース結合特異性レクチン (RBL) の X 線構造解析による高次構造の解明, 第 3 回 東北糖鎖研究会, 平成 21 年 11 月 20 日, 長岡技術科学大学

16. 小川智久, 荒川香織, 永沼孝子, 谷内哲夫, 村本光二, 尾定誠, 吉見享祐, マベガイ真珠バイオミネラリゼーションに関わるADPリボシルトランスフェラーゼの構造と機能, 第82回日本生化学会年会, 平成21年10月24日, 神戸ポートアイランド

17. T. Ogawa, K. Arakawa, T. Naganuma, K. Yoshimi, K. Muramoto ADP ribosyl transferases regulate the aragonite crystal orientation and formation in the biomineralization of *Pteria penguin* pearl shell, 第2回スイス-日本 生命化学シンポジウム (2nd SJBCS 2009), 平成21年9月11日, 東京大学

18. Y. Saeki, Y. Shikanai, K. Arakawa, T. Naganuma, K. Yoshimi, K. Muramoto, T. Ogawa, MMP- and TIMP- like Proteins Regulate the Fibril Formation of *Pteria Penguin* Byssus as Matrix Proteins, 第2回スイス-日本 生命化学シンポジウム (2nd SJBCS 2009), 平成21年9月11日, 東京大学

19. 小川智久, タンパク質による結晶形成制御と新マテリアル創製への挑戦: 真珠バイオミネラリゼーションから学ぶ マタマテリアルサイエンス創生シンポジウム, 平成21年7月17-18日, 秋田大学工学資源学部

20. 荒川香織, 永沼孝子, 鹿内之寛, 村本光二, 山田 尚, 吉見享祐, 小川智久, マベ真珠アラゴナイト結晶配向性に関わる新規 26kDa タンパク質の構造と機能, 日本農芸化学会2009年度大会, 2009年3月28日, 福岡

21. 鹿内之寛, 永沼孝子, 佐藤理恵, 村本光二, 吉見享祐, 小川智久, マベ真珠アラゴナイトマトリックスタンパク質の特性, 日本農芸化学会第143回東北支部大会, 2008年10月11日, 弘前大学

22. 荒川香織, 永沼孝子, 村本光二, 吉見享祐, 小川智久, マベ真珠アラゴナイト結晶配向性に関わる新規26kDaタンパク質の構造と機能, 日本農芸化学会第143回東北支部大会, 2008年10月11日, 弘前大学

23. T. Ogawa, Reconstruction of ancestral forms and the evolutionary history of fish galectins reveal their rapid adaptive evolution process, 12th Evolutionary Biology Meeting, Sept 24-26, 2008, Marseilles, France [招待講演]

24. T. Ogawa, T. Naganuma, W. Hoshino, R. Sato, Y. Shikanai, K. Muramoto, K. Yoshimi, M. Osada, Jacalin-like multiple lectins related to biomineralization of *Pteria penguin* shell 23rd International Lectin Meeting (INTERLEC-23) 2008年7月13日, Stirling 大学, UK

[図書] (計1件)

1. Konno, A., Ogawa, T., Shirai, T., (2010) Ancestral protein reconstruction as a new field in protein engineering *In: Ribosomal Proteins and Protein Engineering*: ISBN:

978-1-60741-005-8 (Ed.V. Ortendhal and H. Salchow) Nova Science Publishers, Inc.

[産業財産権]

○出願状況 (計1件)

名称: マベガイのART26Pと選択的に結合するモノクローナル抗体およびそれを用いた良質真珠を生産するマベガイの選別方法

発明者: 小川智久, 小野史織, 永沼孝子

権利者: 東北大学

種類: 特願

番号: 2012-048082

出願年月日: 平成24年3月5日

国内外の別: 日本国

6. 研究組織

(1) 研究代表者

小川 智久 (OGAWA TOMOHISA)

東北大学・大学院生命科学研究科・准教授

研究者番号: 80240901

(3) 連携研究者

吉見 享祐 (YOSHIMI KYOSUKE)

東北大学・大学院環境科学研究科・准教授

研究者番号: 80230803

白井 剛 (SHIRAI TSUYOSHI)

長浜バイオ大学・バイオサイエンス学部・

教授

研究者番号: 00262890