Biomolecular Characterization Unit

To resolve the mystery of biological phenomena, we examine the protein structure

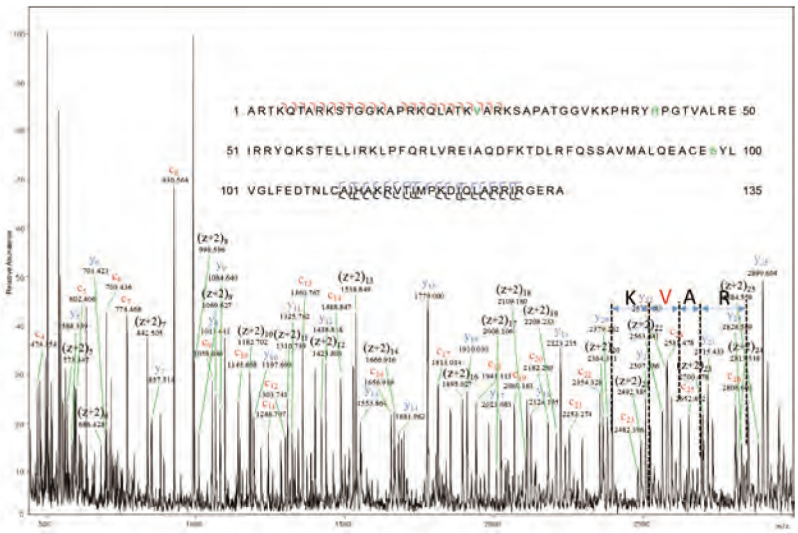
Our unit provides high quality structural characterization methods to the field of biological science, aiming to further understand the mechanism and action of biological molecules. We manage specialized and technical instruments including protein chemical analyses, mass spectrometry. Our challenge to research, develop and fine-tune novel characterization methods for biological molecules, is an endless yet rewarding process.

Research Subjects

- Development and application of analytical methods for structural details on biological molecules
- Development of quantitative analysis of biomolecules
- Identification and characterization of RNA by mass spectrometry

Research Results

- We determined the crystal structure of amino acid transport protein YddG, and revealed from the results of amino acid composition analysis that its dynamic structural changes cause amino acid transport.
- We identified the *O*-GlcNAcylation at the Serine 40 of histone H2A as a novel epigenetic modification correlated with the emergence of embryonic animals in the evolution process.
- We developed the rapid, simple and comprehensive analytical method for N-termini of histone including lysine 9 of histone H3 (H3K9) modifications which is important for gene transcription, revealed that the trimethylation of H3K9 is specifically increased in mouse testis.



Our analytical method based on matrix-assisted laser desorption/ionization in source decay enabled us to sequence histone H3 N-termini including H3K9 modifications. (Kwak, HG., Dohmae, N. 2016 *Rapid Commun. Mass Spectrom.*)

主要論文 / Publications

Tsuchiya, H. *et al.*
Structural basis for amino acid export by DMT superfamily transporter YddG.
Nature **534**, 417–20 (2016)

Hirosawa, M. *et al.*
Novel O-GlcNAcylation on Ser(40) of canonical H2A isoforms specific to viviparity.
Sci. Rep. **6**, 31785 (2016)

Kwak, HG., Dohmae, N.
Characterization of post-translational modifications on lysine 9 of histone H3 variants in mouse testis using matrix-assisted laser desorption/ionization-in source decay.
Rapid Commun. Mass Spectrom. **30**, 2529–2536 (2016)

2016年度メンバー / FY2016 Members

Unit Leader
Naoshi DOHMAE

Senior Research Scientist
Hiroshi NAKAYAMA

Senior Technical Scientist
Takehiro SUZUKI
Kowashi WATANABE

Postdoctoral Researcher
Ho-Geun KWAK

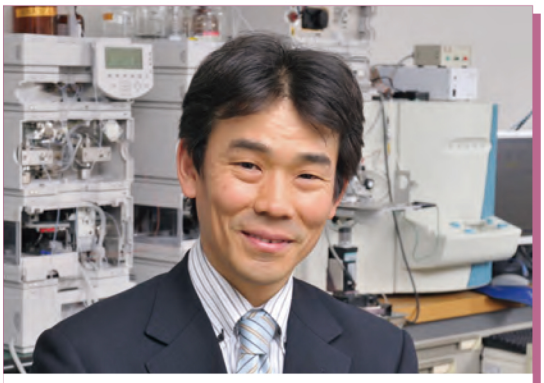
Technical Staff
Masami KOIKE

技術基盤部門

生命分子解析ユニット

タンパク質の構造を調べて、生命現象の謎にせまります

当ユニットは、生命現象の解明に向け、生体成分構造解析法の開発や構造解析の応用研究を行っている。生体成分の中でも特にタンパク質は生命現象の源であり、さまざまな生物活性がある。そのタンパク質の構造を詳細に調べることで、活性と遺伝子との対応、生物学的活性のメカニズムや活性の制御機構を解明する。また、装置ならびに設備の設置や管理、解析方法に関する情報の整備をすることで研究支援を行っている。



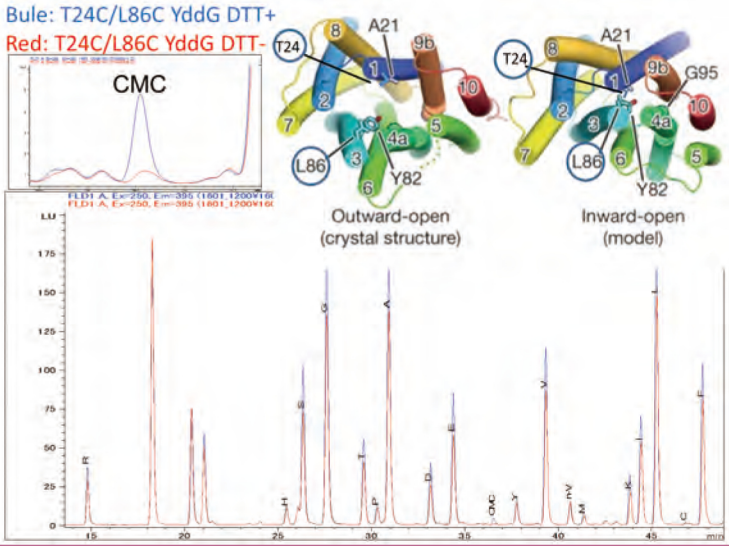
ユニットリーダー／Unit Leader
堂前　直　博士（学術）
Naoshi DOHMAE Ph.D.

研究テーマ

- 生体分子の翻訳後修飾を含めた詳細な構造解析
- 生体分子の定量的解析法の開発
- RNAの質量分析

研究成果

- アミノ酸排出輸送タンパク質YddGの立体構造を明らかにし、アミノ酸組成分析の結果から、その動的構造変化がアミノ酸輸送を引き起こすことを明らかにした。
- 進化の過程において、胎生動物の出現に関与するとみられる新規のエピジェネティック修飾として、ヒストンH2Aの40番目のセリンのO-GlcNAc化を発見した。
- 転写制御に重要なヒストンH3の9番目のリジン(H3K9)の修飾を含むヒストンN末端の簡便な分析方法を開発し、マウス精巣のH3K9においてトリメチル化が特異的に増加していることを明らかにした。



Structural analysis based on crystal structure and amino acid composition analysis revealed the mechanism of amino acid transport by YddG. (Tsuchiya, H. *et al.* 2016 *Nature*)