

分子生物学科・環境科学研究センター共催セミナー

ATP dependent conformational change and protein folding mechanism of group II chaperonin

グループII型シャペロニン(Hsp60)のATP依存的構造変化とタンパク質フォールディング機構

東京農工大学大学院
工学府生命工学専攻
養王田正文 教授

平成23年12月21日

午後3時から

総合研究棟シアター教室

教職員、大学院学生、学部学生、
どなたでも歓迎します(入場無料)
問い合わせ先: 仲本 準(分子生物学科)

集中講義世話人のコメント

養王田先生は、生物学はもちろんのこと、もともとのご専門である化学や物理学も難なくこなされる研究者・教育者で、多くの学術論文を執筆され、日本の学術研究を先導されています。是非、先生の知的活力に触れ、知の世界を楽しんでください。
世話人(連絡先): 分子生物学コース 仲本 準

Protein folding is assisted by molecular chaperones *in vivo*. Molecular chaperone system of hyperthermophilic archaea is composed of only four groups of chaperones, **group II chaperonin (CPN)**, prefoldin (PFD), sHsp and PPIase. ATP drives the conformational change of the group II chaperonin from the open-lid substrate binding conformation to the closed-lid conformation to encapsulate an unfolded protein in the central cavity for its correct folding. To elucidate detailed conformational change and protein folding mechanism, we have performed kinetic studies of conformational change using CPN from *Thermococcus* strain KS-1 by stopped-flow fluorometry, stopped-flow small angle X-ray scattering (SAXS) and Diffracted X-ray Tracking (DXT). Our study has given clear insights for the conformational change and also protein folding mechanism of CPN.

