



(ascorbate, ASC) を共結晶化し、分解能 2.28Å と 2.20 Å の構造解析に成功している。構造比較から、次のような反応機構モデルを提案している。① His95 は Asp70 との相互作用により水分子からプロトンを引き抜く。② この His95 はプロトンを DHA の 3 位カルボニル基の酸素原子に供給する。③ プロトンが 3 位から 2 位カルボキシル基の酸素原子に渡される。④ His95 はもう 1 つの水分子を使って、3 位カルボニル基の酸素原子にプロトンを再度供給する。こうして DHA が ASC に変換される。一方、dioscorin のトリプシン阻害活性については、*Cluspro 2.0 server* を使って dioscorin と trypsin のドッキングシミュレーションにより結合モデルを提案している。変異体解析により、C28-C187 ジスルフィド結合が相互作用するループの形成に重要であること、trypsin の活性ポケットに入ると予想された Arg43 が実際に trypsin 阻害活性に重要であることを明らかにしている。

以上のように、本論文は多機能タンパク質としての dioscorin の構造・機能解析に成功し、多機能性を説明するユニークな構造基盤を明らかにしており、得られた知見は学術上、応用上貢献するところが少なくない。よって、審査委員一同は、本論文が博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。