

課題名 (タイトル) :

タンパク質修飾の網羅的解析

利用者氏名 : 河村 優美

所属 : 和光研究所 基幹研究所 ケミカルバイオロジー研究領域 ケミカルゲノミクス研究グループ
分子リガンド標的研究チーム

1. 本課題の研究の背景と目的、関係するプロジェクトとの関係

共同研究として行っている、“タンパク質アセチル化の網羅的解析”で、アセチロームに関する解析を行った。また、もう一つの共同研究である”small RNA の薬剤処理 (SSA 処理) による変動”に関する課題についても同様に網羅的解析を行っている。

2. 具体的な利用内容、計算方法

DB を利用した大規模解析。

3. 結果

“タンパク質アセチル化の網羅的解析”について、アセチル化に関連する転写因子の濃縮や、機能と関連する考えられる特定のペプチドを使った多変量データ解析を行った。また、”small RNA の薬剤処理 (SSA 処理) による変動”では、次世代シーケンサーから解析できた small RNA-seq を使い、バイオインフォマティクスの手法により解析を行った。スプライシング阻害などの影響により microRNA の欠失、新規の出現したことを予測した。マイクロアレイと small-RNA seq の統合データからパスウェイの変動などを同定した。また、SSA 処理によるヒストン修飾の変動に関して ChIP-seq を行い、この解析を行っている。ヒストン修飾と遺伝子発現の関係についても解析を進めており、small RNA の機能やエピジェネティクスとの関連について解明を目指している。

4. まとめ

ディープシーケンシングデータを解析することにより、多くの情報が得られた。

5. 今後の計画・展望

今後さらにがんに関わるアセチル化について解明できるよう、ネットワーク解析等を行う。”small RNA の

薬剤処理 (SSA 処理) による変動”に関しては、ChIP-seq 解析と、small RNA-seq 解析などを使った統合的な解析を行おうとしている。予測できた、スプライシング阻害等の影響による microRNA の新規出現や、欠失に関してその原因を解明する。