

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 : 環境資源科学研究センターケミカルバイオロジー研究グループ分子リガンド標的研究チーム

|   |  |
|---|--|
| <p>1. 本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係<br/>共同研究として行っている“枯草菌におけるタンパク質アセチル化の網羅的解析”では、CoA 化合物を利用する短鎖アシル化修飾、バクテリアを対象にしたタンパク質の短鎖アシル化修飾について生物機能と構造の両面から理解し、代謝変換に基づく物質生産やオルガネラの制御につなげることを目指している。もうひとつの共同研究である“スプライシング阻害剤 SSA の作用機序に関する研究”では、SSA の生体内での作用機序の解明を目指している。</p> <p>2. 具体的な利用内容、計算方法<br/>質量分析から得られた網羅的なアセチル化やスクシニル化について統計解析や多変量解析を行った。また、ディープシーケンシングから得られたショートリードのデータをゲノムにマッピングする前処理を行い、そこから得られる特徴量を基に、解析を行った。</p> <p>3. 結果<br/>“タンパク質アセチル化の網羅的解析”について、炭素源応答による、アセチル化、スクシニル化の顕著な変動がみられ、その結果を基に多変量データ解析を行った。その結果、アセチル化、スクシニル化などのアシル化は、生理的適応作用に役割を果たすのではないかと示唆された。また、“スプライシング阻害剤 SSA の作用機序に関する研究”では、ディープシーケンシングから得られた small RNA-seq を使い、機械学習などを行った。その結果、スプライシング阻害により、クロマチン構造やスプライシングシグナルに顕著な違いがあることが示唆された。</p> <p>4. まとめ<br/>統計解析、機械学習などを行うことにより、アシル化の解析、スプライシングメカニズムに関する定量解析結果を得られた。</p> <p>5. 今後の計画・展望</p> | <p>“スプライシング阻害剤 SSA の作用機序に関する研究”“に関しては、ChIP-seq データや small RNA-seq データなどを使った統合的な解析を行っている。今後、スプライシング阻害の生体内での役割を解明する。</p> |
|---|--|

平成 26 年度 RICC 利用研究成果リスト

**【論文、学会報告・雑誌などの論文発表】**

PLoS ONE, 2014, 9(5), e98015, Koga M, Satoh T, Takasaki I, Kawamura Y, Yoshida M, Kaida D, “U2 snRNP is required for expression of the 3' end of genes.”