

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

理研での所属研究室名 : 和光研究所 基幹研究所 吉田化学遺伝学研究室

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  
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”の課題である、アセチロームについて解析を行った。質量分析から得られた網羅的データなどを使って、それらをネットワークとして理解し、また、個々のメカニズムについて解明するために、計算科学的手法を用いて解析を行う。また、もう一つの共同研究である“SSA による RNA のスプライシング阻害”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  
アセチロームに関しては、質量分析から得られたデータを基に、新規のアセチル化リジンサイトを同定した。RNA に関しては、次世代シーケンサーで得られた deep sequence データから、薬剤によるスプライシング阻害や、その他の変化や特徴を網羅的に解析した。その解釈について現在計算を行っている。
3. 結果  
アセチロームに関しては、メチル化のダブルノックアウトによるアセチル化リジンサイトの変化について同定することができた。RNA に関しては、網羅的解析から、特徴量を定量化し、SSA によるスプライシング阻害以外の薬剤効果の特性を見出すことができた。
4. まとめ  
アセチロームに関しては、がんに関して変化するものについて同定できるよう解析を行う。RNA に関しては、特に small RNA に関しては異なる特徴があるので、それを解析する。
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。特定のネットワークやパスウェイの解明を行う予定があるので、引き続き計算を行う。
6. RICC の継続利用を希望の場合は、これまで利用した状況 (どの程度研究が進んだか、研究においてどこまで計算出来て、何が出来ていないか) や、継続して利用する際に行う具体的な内容  
今後は、得られた実験結果から、メカニズムの解明等を試みる。
7. 利用研究成果が無かった場合の理由  
現在執筆中である。