

課題名 (タイトル) :

糖鎖構造解析のための計算実験

利用者氏名 : 菅 秋次

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  
システム糖鎖生物学研究グループ 糖鎖構造生物学研究チーム

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  
真核生物における N 型糖鎖の合成経路は保存されており、発生、分化、疾患といった生物の様々な局面で関与することから非常に重要であることが知られている。その一方で近年、原核生物にも N 型糖鎖の存在が知られるようになり注目を集めている。本研究では真核生物の N 結合型糖鎖を合成する糖転移酵素に着目し、生体内で合成される糖鎖構造を予測すると共に、真核生物で蓄積されている糖転移酵素の知見を基に、原核生物の糖転移酵素および合成可能な糖鎖構造を予測する。
2. 具体的な利用内容、計算方法  
糖鎖構造データベース (KEGG GLYCAN) の N 結合型糖鎖から最終産物を抽出し、それらの単糖を 1 つずつ取り除くことにより、仮想的な合成経路を作成している (計算中)。
3. 結果  
352 個の最終産物のうち 348 個から網羅的な合成経路を作成した。糖鎖構造数は現時点で 9 万個を超えている。これらは真核生物の糖鎖構造解析において有用な情報リソースになるものと考えられる。
4. 今後の計画・展望  
原核生物についても現在調査を行っている。データベース (UniProt) から糖転移酵素を抽出し、原核生物における糖転移酵素の分布を確認した。これらの糖転移酵素は、真核生物と比較すると実験レベルでの同定が著しく少ないことも確認され、本研究の重要性を示している。これらの情報と、真核生物でこれまでに蓄積された糖転移酵素のアミノ酸配列パターン (モチーフ) 等を利用し、原核生物のゲノム情報にそれらに類するモチーフがどの程度存在するかを確認する予定である。
5. 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  
今年度中に真核生物の N 結合型糖鎖の仮想合成経路が完成する見通しである。来年度はこれを基に糖鎖構造予測法を提案する予定である。また、原核生物のゲノムから糖転移酵素と考えられるタンパク質を探索するため、既知の糖転移酵素のアミノ酸配列モチーフ等を利用した配列解析を行う。
6. 利用研究成果が無かった場合の理由  
テーマを立ち上げるにあたり、計算に使う情報資源と生物種の絞り込みを行っているため。