

# CBRC

# NEWSLETTER

No.  
6

WINTER 2004

## バイオインフォマティクスの進展の中で

タンパク質機能チーム長  
野口 保

一般にバイオインフォマティクスと言うと、ゲノム情報解析をイメージする人が多いと思います。それはやはりヒトゲノムプロジェクトが、一般紙上にも取り上げられるほどのインパクトがあったためでしょう。それに比べて、その後が始まった構造ゲノミクスプロジェクト(タンパク質の基本構造を全て明らかにする)の知名度は、まだ一般に浸透しているとは言えないようです。しかしながら、ポストゲノム科学の中でこのプロジェクトから得られるタンパク質立体構造の情報は、生命科学の基盤情報としてばかりでなく医薬・農薬開発研究にとってとても重要なものです。今後、タンパク質立体構造の情報を基にしたバイオインフォマティクスも、ゲノム情報解析同様に一般に知られるような研究になって行くでしょう。

私がこの分野に入ったのは、タンパク質立体構造の構築原理に興味を持ったのがきっかけで、主に二次構造予測の研究を行ってきました。始めた当初、1,000に満たなかったタンパク質立体構造データ

ベース(PDB)のエントリー数は、その後急激に増加したため、予測用の代表チェーンを決めるためにPDB代表チェーン決定システム(PDB-REPRDB)を作成しました。このシステムを使っているうちに、PDBのエントリー数は10,000を超え、配列が類似しているにも関わらず異なる構造のチェーンが数多



く見つかるようになりました。それらの構造変化は、原子や分子が結合したことによるもの、アミノ酸配列における挿入・欠損や置換のために起こるもの、それにタンパク質がまさに動いていることを示す構造的な揺らぎが大きい個所が見えている場合があります。また、その動き方もドメインをまた

いだ大きな動きからループ部分だけの小さな動きと様々です。

昨年の春、タンパク質機能チームを新たに立ち上げることになり、チームの研究目標を考える際に、このタンパク質の変化(動き)を考慮した機能予測に焦点を当てることにしました。実際のタンパク質分子は生体内で静止している訳ではなく、構造変化をすることによって機能を発揮していることから、この目標は間違った選択ではないと思っています。幸いチームのメンバーは全て旧分子情報科学チームからの継続メンバーなので、この方針でチーム員の研究を尊重しつつチームの目標に向かって研究を進めることができます。また、構造ゲノミクスプロジェクトの進展に伴い、PDB登録数も12月現在で23,000エントリーを超え、構造変化の情報は今後も増え続けるでしょう。今後、ますます重要となるタンパク質立体構造を基にしたバイオインフォマティクスの進展の中で、タンパク質機能チームから大きな成果を出せるように努力して行きたいと思っています。