

共同研究報告書

研究区分	萌芽研究(7)
研究課題	光合成生物タンパク質複合体データベースの拡充と公開
新規・継続の別	萌芽(1年目/全3年)
研究代表者/所属	北大低温研
研究代表者/職名	助教
研究代表者/氏名	高林厚史

研究分担者/氏名/所属/職名			
	氏名	所属	職名
1	遠藤剛	京都大学	准教授
2	土反伸和	神戸薬科大学	助教
3	山本興太郎	北大理学研究科	教授
4	藤田知道	北大低理学研究科	准教授
5	伊藤寿	北大低温研	助教

研究目的	<p>生命現象は単体のタンパク質の協調によってのみ行われるわけではなく、タンパク質同士が相互作用することで形成されたタンパク質複合体も大きく寄与している。形成されるタンパク質複合体は生物種やその生育環境によって大きく異なっており、生物の環境適応に重要な役割を担うと考えられている。特に、葉緑体は「光合成の場」であると共に、そのエネルギーを利用して合成される様々な代謝産物が複雑に絡み合う「代謝ネットワークの場」でもある。そのため、光合成生物の低温などへの環境適応を考えるうえで、タンパク質複合体を網羅的に調べることは大変重要である。</p> <p>しかし、従来の手法では時間(労働力)と費用がかかることは極めて大きな障害であった。そのため、申請者を含む光合成、葉緑体研究者の大多数は、興味の対象のタンパク質に絞ってそのタンパク質と相互作用するタンパク質の検出を「個別に」試みているのが現状であった。それに対し、申請者は電気泳動(Blue-Native PAGE)と質量分析を組み合わせた新規な手法でタンパク質複合体を網羅的に解析することに成功しつつある。</p> <p>そこで本研究ではその技術を利用して、1) 幅広い光合成生物(陸上植物、藻類、シアノバクテリア)のタンパク質複合体を網羅的に検出し代謝ネットワークに関する新たな知見を得ると共に、2) その結果をデータベースの形でコミュニティに広く公開することを目的とする。特に、寒冷圏に特徴的な珪藻や褐藻のタンパク質複合体解析は従来までにほとんど行われておらず、本研究の意義は大きいと期待できる。</p>
------	--

<p>研究内容・成果</p>	<p>本研究は大きく2つに分けられる。1つは低温研の LC-MS/MS を用いて、幅広い光合成生物を材料とし、それら生物のタンパク質複合体を網羅的に解析すること。もう1つはその成果をウェブデータベースでコミュニティに広く公開することである。</p> <p>まず1つ目の「解析」については、前年度中に、モデル植物のシロイヌナズナ、同じくモデル植物のヒメツリガネゴケ、緑藻のクラミドモナスおよびマイクロモナス、藍藻の <i>Synechocystis</i> sp.PCC6803 および <i>Prochlorococcus</i> 3 種について解析を行った。さらに現在、珪藻および2種の藍藻の解析を行っているところである。</p> <p>また、これらの解析データを基にした新規タンパク質複合体(因子)の検出も行っている。この「大量データ」の解析をサポートし、タンパク質複合体を検出するためのツールとして、研究室内にウェブデータベース「PCoM-DB(内部向け)」を構築した。その結果、実際に、いくつかの興味深い新規タンパク質複合体を見出すことに成功したため、現在それらの分子生物学的/生化学的解析を進めている。さらに、外部データベースにて公開されている様々な生物情報を取り込んで、検出の精度を向上させるための取り組みも行っている。</p> <p>次にシロイヌナズナと藍藻の(一部の)データを公開するため、「PCoM-DB(外部向け)」を構築した。現在、論文をまとめて投稿中である。今後、公開データを拡充していく予定である。</p>
<p>成果となる論文・学会発表等</p>	<p>[論文] <u>Atsushi Takabayashi</u>, Ryosuke Kadoya, Masayoshi Kuwano, Katsunori Kurihara, Hisashi Ito, Ryouichi Tanaka, Ayumi Tanaka. 「Protein co-migration database (PCoM-DB) for <i>Arabidopsis</i> thylakoids and <i>Synechocystis</i>」 submitted</p> <p>[学会発表等] 高林厚史、栗原克宜、田中亮一、田中歩 「新規手法による葉緑体タンパク質複合体の網羅的検出」植物生理学会、京都産業大学、2012年</p> <p><u>Atsushi Takabayashi</u>, Ayumi Tanaka 「Plant protein co-migration database (PPCMD) toward the comprehensive analysis of the protein complexes in photosynthetic organisms」 岡山大学国際シンポジウム「光合成システムの構造と機能」、岡山大学、2012年</p>

PCoM-DB

Protein co-migration database for photosynthetic organisms

last update:2013.01.08

Top

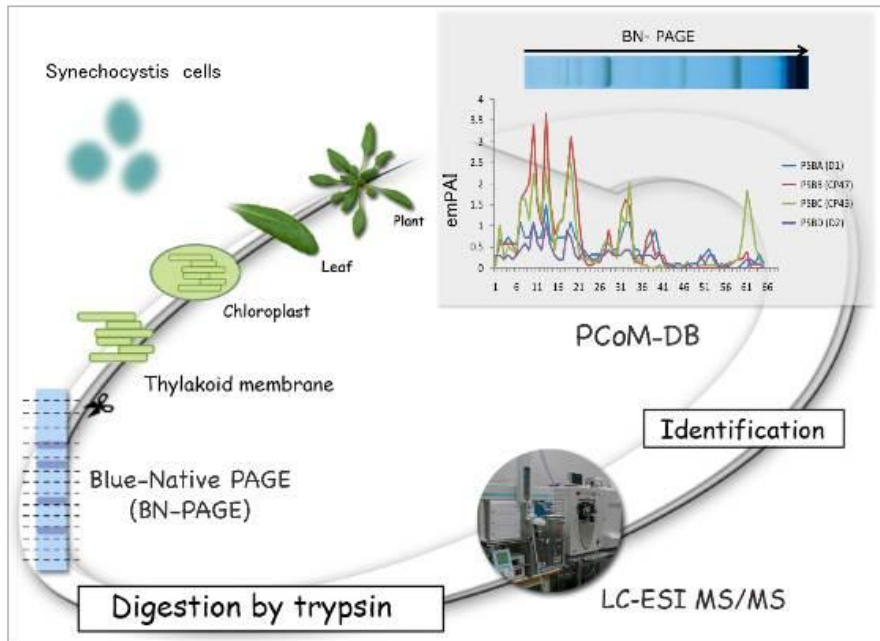
Search

Browse

What is PCoM?

Protein Co-Migration Database for photosynthetic organisms (PCoM) is a powerful tool for predicting the protein complexes in photosynthetic organisms containing your protein of interest. PCoM stores the data obtained by LC-MS/MS analysis of the protein complexes which were separated by BN-PAGE and extracted from BN-PAGE gel slices.

For further information, take a look at [the overview page](#).



PCoM-DBのトップページのスナップショット。