

高精度シグナルペプチド予測システム：SOSUlsignal

五味雅裕¹、園山正史²、美宅成樹^{1,2,*}

¹東京農工大学工学部生命工学科

〒184-8588 東京都小金井市中町2-24-16

²名古屋大学大学院工学研究科マテリアル理工学専攻

〒464-8603 愛知県名古屋市千種区不老町

*E-mail: mitaku@nuap.nagoya-u.ac.jp

要旨

シグナルペプチドの3つのドメイン構造のアミノ酸配列に見られる物理化学的特徴に着目し、高精度なシグナルペプチド予測システムを開発した。予測システムは、疎水性の高いセグメントの検出、シグナルアンカーを含むシグナル配列の予測、シグナルアンカーとシグナルペプチドの判別という3つのモジュールからなる。このシステムでは高精度な予測のために、疎水性指標に加え、S S指標、S P指標を新たに考案した。真核生物のシグナルペプチド配列を、従来の方法より高精度で判別することができた(Matthewsの相関係数が0.89)。また、SOSUlsignalで最適化するパラメータはわずか5個であるため、極めて高速な予測が可能である。

キーワード：シグナルペプチド、分泌タンパク質、予測、バイオインフォマティクス

領域区分：分子生物学における情報計算技術