

GPCR と G タンパク質の結合の理解を目的とした GPCR アミノ酸配列の物理化学的性質の解析

Ganga D. Ghimire^{1,2*}、谷澤英樹²、園山正史²、美宅成樹²

¹名古屋大学ベンチャービジネスラボラトリ

〒464-8603 名古屋市千種区不老町

²名古屋大学大学院工学研究科応用物理学分野

〒464-8603 名古屋市千種区不老町

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

要旨

Gタンパク質共役型受容体 (GPCR) は基質分子によって活性化され、Gタンパク質と特異的に結合する。このGPCRとGタンパク質の特異的結合の機構を理解することは、バイオインフォマティクス研究の中でも最も重要な問題の一つとなっている。本研究では、どのファミリーに属するGタンパク質と結合するかによってGPCRを分類することで、結合の特異性を理解するために、アミノ酸配列における各領域の物理化学的性質の解析を行った。解析において注目した領域は、細胞質側のループ (IL1、IL2およびIL3の両端の短いセグメント)、細胞外側のループ (ETL、EL1、およびEL2の両端の短いセグメント)、さらにこれらのループにつながる膜貫通領域の細胞質側のセグメント (C端に隣り合うセグメントは除く) である。それらの領域における疎水性インデックス、電荷密度、リジンとアルギニンの密度、およびループの長さ (IL1、IL2、IL3、CTL、NTL、IL1、EL2、EL3) を解析したところ、高精度でGPCRの分類が可能となった。

キーワード : GPCR, G-protein, signal transduction, proteomics, bioinformatics

領域区分 : 分子生物学における情報計算技術