

RNA/DNA結合サイト予測

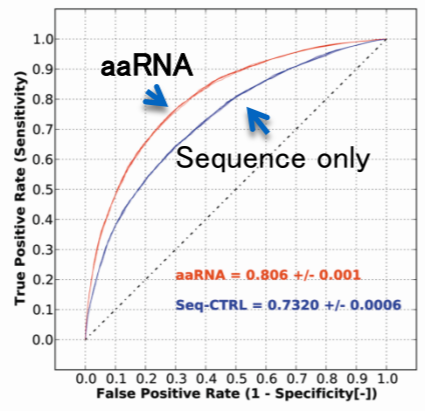
[技術の概要]

RNA/DNA結合タンパク質上の結合サイトを予測するアルゴリズム(aaRNA/aaDNA)を開発した。配列情報に構造情報を組み合わせることで、非常に精度が高く、かつ頑強な予測が可能である。

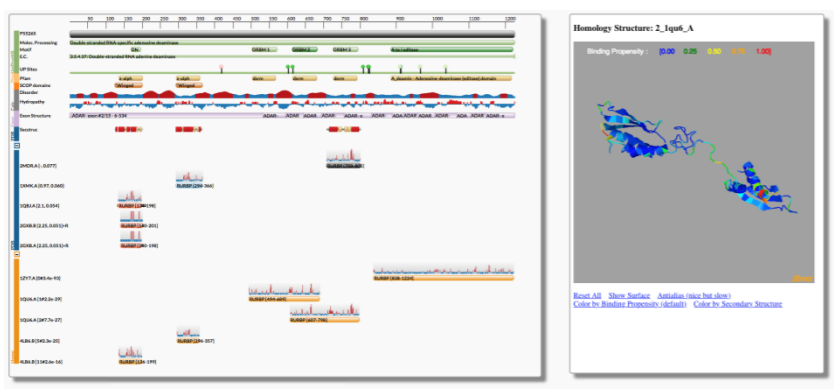
さらにこの技術の拡張として、現在ゲノムワイドなRNA/DNA結合タンパク質結合サイト予測サーバー(ruRBP/ruDBP)を開発している。

配列情報しか分からない場合でも、ホモロジーモデリングによって作られた構造を用いて予測が行える。構造モデルを用いても配列情報のみの場合に比べて精度向上は明らかであった。

予測結果をドッキング構造の評価に使えば、精度良く複合体構造を評価できる。また現在、このアルゴリズムを拡張し、ゲノムワイドに結合サイトを予測するサーバーを開発している。本サービスで、より簡単にRNA/DNA結合タンパク質やその結合サイトを見つけることが可能になる。



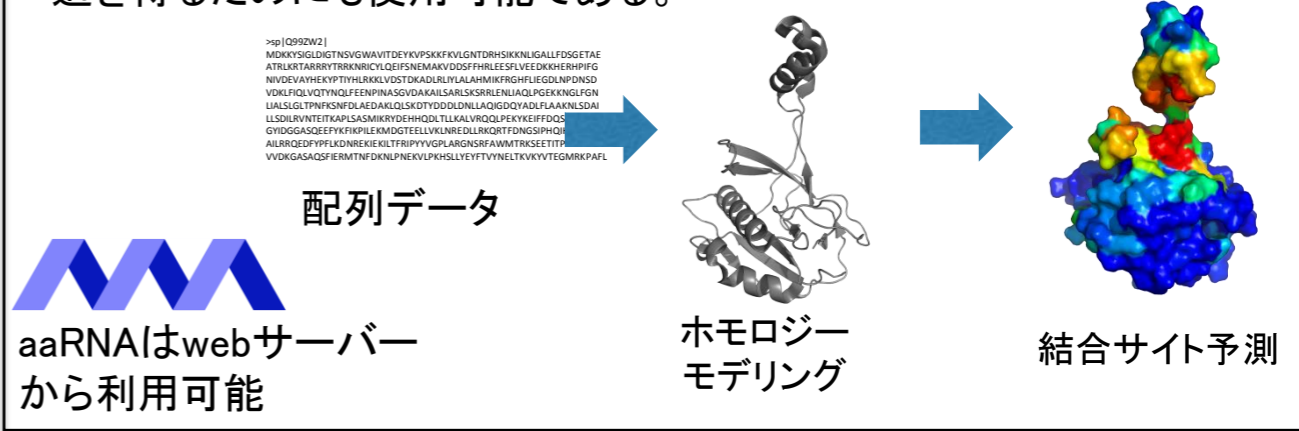
構造情報を取り入れて精度を向上



ゲノムワイドな結合サイト予測(開発中)

[技術の利用例]

構造の分からないタンパク質のホモロジーモデリングを行い、各残基のRNA/DNA結合確率を予測する。支援利用者は結合サイトの変異実験等により実際に結合サイトが結合に寄与しているか確認することで目的タンパク質の機能評価を行える。さらに、ゲノムワイドの結合予測サービスを利用すれば、質量分析等で得られた一群のタンパク質の中から実際に目的RNA/DNAに結合しているタンパク質を選び出すことができる。また、これらの予測はタンパク質-核酸構造を得るためにも使用可能である。



連絡先

[所属] 大阪大学

[名前] Daron M Standley

[E-mail] standley@ifrec.osaka-u.ac.jp