

ラン藻ゲノム研究交流会

趣旨：バイオインフォマティクスとの融合をはかり、ラン藻ゲノム生物学の展開を目指す。

主催：大森正之、池内昌彦

発表：15分以内、質疑応答の時間5分

日時：平成20年7月4日（土）12:30～19:00

場所：東京大学・駒場キャンパス16号館126号室

会費：500円（ブレイク、懇親会費用）

12:30 はじめに

ゲノム情報・データベース・バイオインフォマティクス

12:40-13:00 岡本忍 新しいCyanoBaseの使い方

13:00-13:20 藤澤貴智 スピルリナゲノム

13:20-13:40 佐藤直樹 シアノバクテリアの数理生物学に向けて(その2)

13:40-14:00 川島秀一、金久實

HMMER3による、ラン藻プロテオームの網羅的ドメイン解析

14:00-14:20 ブレイク

タンパク質の構造・解析

14:20-14:40 高林厚史 bioinformaticsによる新規光合成因子の探索

14:40-15:00 加納和彦、寺師玄記、梅山秀明

毎日更新する公衆衛生のための新型インフルエンザ(H1N1)モデリングデータベース

15:00-15:20 由良敬

ナンジャモンジャゴケ葉緑体のRNAエディティング部位の同定と予測

15:20-15:40 岩崎秀雄 シアノバクテリアの概日転写リズムに関する新知見

15:40-16:00 ブレイク

機能解析

16:00-16:20 渡辺智、兼崎友、吉川博文（東京農業大学）

Synechococcus elongatus PCC 7942における複製開始に関する研究とリシーケンス

16:20-16:40 朝山宗彦 シグマ因子とRNaseE相互作用因子

～転写・転写後調節のこれまでのまとめと今後～

16:40-17:00 得平茂樹

有用工業微生物/*Corynebacterium glutamicum*/における糖代謝の制御に働くシグマ因子

17:00-17:20 西山佳孝 光合成と翻訳系を結ぶレドックス制御機構

17:20-17:40 日原由香子 転写因子 cyAbrB

17:40-18:00 仲本準 シアノバクテリア DnaK/DnaJ/GrpE システム

18:00-18:20 和田元、水澤直樹 光合成を支える脂質の機能

18:20-19:00 懇親会+総合討論

毎日更新する公衆衛生のための新型インフルエンザ(H1N1) モデリングデータベース

○加納和彦¹、中村裕樹¹、寺師玄記¹、岩館満雄^{2,3}、高谷大輔²、竹田・志鷹真由子^{1,2}、梅山秀明^{1,2}

¹北里大学薬学部、²理化学研究所、³中央大学理工学部生命科学科

新型インフルエンザ (H1N1) ウイルスの感染は、2009年4月メキシコにおける流行に端を発し、またたく間に各国に広がり世界的な大流行となった。世界保健機関 (WHO) は、2009年6月12日時点において、世界的大流行 (パンデミック) を宣言し、警戒水準を最高のフェーズ6に引き上げている。感染者数及び死亡者数は、2009年6月26日現在において、それぞれ55,867人、238人となっている。症状は今のところ季節性のインフルエンザと同程度とされているが、インフルエンザウイルスは遺伝子の変異の速度が非常に早く、感染を繰り返すうちに高病原性を獲得してしまう可能性もある。

この世界的な大流行を受けて、新型インフルエンザウイルスの遺伝子配列の解析が世界各地で行われている。NCBIでは、2009年4月27日から、新型インフルエンザウイルスの持つ10種のタンパク質の塩基/アミノ酸配列情報を公開している¹。このサイトでは、各地で分離された新型インフルエンザウイルスの変異株の配列情報が、毎日のように登録され、公開されている。2009年4月27日から6月26日までに登録された変異株の数は、既に800を超えており、変異のスピードのすさまじさを物語っている。

我々は、NCBIから日々公開されているインフルエンザウイルスのタンパク質に対して、アミノ酸配列が公開されると同時に立体構造モデリングの計算を開始し、配列の公開から半日~1日程度のタイムラグで、タンパク質の立体構造情報 (座標) を全世界に向けて公開している²。この「**新型インフルエンザ (H1N1) モデリングデータベース**」は、「RIKEN FAMSBASE」の一部として理化学研究所から公開しており、現在は、NCBIのInfluenza Virus Resource¹からもリンクを貼られている。

タンパク質のモデリングにはホモロジーモデリングプログラム**FAMS (Full Automatic Modeling System)**³を用いている。我々は、このFAMSを用いてタンパク質立体構造予測の国際コンテストCASPに参加しており、過去3回連続 (2004、2006、2008年) で上位入賞するなどその精度の高さを証明してきた^{4,5}。

「**新型インフルエンザ (H1N1) モデリングデータベース**」では、タミフルやリレンザといった抗インフルエンザ薬のターゲットであるノイラミニダーゼ (NA) をはじめ、ヘマグルチニン (HA) やRNAポリメラーゼ (PB2, PB1, PA) などインフルエンザウイルスの持つ全10種のタンパク質の立体構造モデルを**FAMS**により構築し、データベースに収録している。特にRNAポリメラーゼはウイルスの増殖には必須のタンパク質であり、新しい抗ウイルス薬のターゲットタンパク質となり得ることから、立体構造モデルを用いた**Structure Based Drug Design (SBDD)**による新薬の開発への期待が高まっている。RNAポリメラーゼは3つのサブユニットからなる複合体を形成しており、複合体形成を阻害することでウイルスの増殖を抑えられると考えられる。

タミフル、リレンザ等の薬剤に対する耐性株の出現に備えて、それらに代わるNA阻害薬の探索、また、RNAポリメラーゼをターゲットにした新薬の開発に、我々の立体構造モデルが貢献できることを期待する。



[A/Canada-AB/RV1532/2009\(H1N1\)のNeuraminidase](#)

Reference

- [1] <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/SwineFlu.html>
- [2] http://mammalia.gsc.riken.jp/swine_influenza/
- [3] Ogata K. and Umeyama H., J. Mol. Graph. Model 18, 258-272, 305-306 (2000)
- [4] Terashi G, Takeda-Shitaka M, Kanou K, Iwadata M, Takaya D, Hosoi A, Ohta K, Umeyama H, Proteins., 69 Suppl 8, 98-107 (2007)
- [5] Takeda-Shitaka M, Terashi G, Takaya D, Kanou K, Iwadata M, Umeyama H., Proteins., 61 Suppl 7, 122-7 (2005)