

生物学実験 IV: 質量分析法演習: 蛋白質モチーフ検索

STEP 1【部分未知配列の同定と帰属、全長配列の取得】

DDBJ: 国立遺伝学研究所 Server <http://www.ddbj.nig.ac.jp/E-mail/homology.html>

または、

NCBI BLAST <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>

に入り、次の配列を Query として、この配列をもつヒト蛋白質分子を検索、同定せよ。

WLLLSLLSLPLGLPVLGAPPRILICDSRVLERYLLEAKEAENITTGCAEHC

検索アルゴリズムに、BLAST Search を選択し、

検索対象とするデータベースを SWISS-PROT (Protein データベース) を選択すると、高速に帰属が可能。

- 検索する対象を、核酸のデータベースにしてみる、
- 検索アルゴリズムを他の方法にしてみる、
- 検索対象をヒトに限定してみる、
- Query とする配列を変えてみる (例: Query を短くして、WLLLSLLSLP を Query にしてみる)

自分でいろいろなオプションをトライしてみよ。

さて、この作業で完全マッチの分子 (ここでは分子 A と表現する) が見つかるはずである。

次に、完全マッチした分子 A が登録された DB のデータにアクセスして、

分子 A の「完全長」のアミノ酸配列を得よ。

ヒント: 分子 A の配列は、M (メチオニン) で始まり、構成アミノ酸残基数は 193 である。

STEP 2【シグナルペプチド配列の推定】

SignalP 3.0 Server : <http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>

に入り、STEP 1 で得た分子 A の完全長配列を Query として、

この分子のシグナルペプチドの切断部位 (細胞分泌される場合に切断される) を求めよ。

切断部位が新たな N 末端となり、C 末端までで構成される分子が、生体内で機能することになる。

一般的には、シグナルペプチドが切断された蛋白質は、成熟蛋白質 (Mature Protein) と表現される。

STEP 3【Motif 配列の検索】

STEP 2 で得られた成熟分子 A の Consensus Motif を検索する。

PROSITE Database of protein families and domains

<http://kr.expasy.org/prosite/> に入り、**ScanProsite** (<http://kr.expasy.org/tools/scanprosite/>) から

成熟分子 A の配列を Query として、Motif 検索を実施せよ。

成熟分子 A には、糖鎖が付加されるという結果が出るはずである。

どのような Motif 定義により、どの位置に糖鎖が付加されうると推定されるのか、調べよ。

-
- 手順や操作などでよく分からない場合は、各 WEB に用意されている解説を良く読み、自力で解決すること。
 - 以上の「結果」についてまとめ、授業に持ち寄ること。

生物学実験 IV: 質量分析法演習: 蛋白質モチーフ[Motif] 検索

学籍番号:		e-mail	@	.waseda.jp
氏名:				

STEP 1【部分未知配列の同定と帰属、全長配列の取得】

Query 配列: WLLLSLLSLPLGLPVLGAPPRRLICDSRVLERYLLEAKEAENITTTGCAEHC

検索サイト	
検索条件	
完全一致配列名	
種属	
完全一致配列 ID	
完全長配列	
その他 気がついたこと	

STEP 2【シグナルペプチド配列の推定】

もっともスコアの高い推定を結論に採用する。

切断部位候補数	
シグナル配列	
完全長配列	
その他 気がついたこと	

STEP 3【Motif 配列の検索】

検出された Motif	
N 結合型糖鎖の Motif ルール	
検出された N 結合型糖鎖の位置	
その他 気がついたこと	