



第86回NM-GCOEセミナー

西村 俊秀 先生

(東京医科大学外科学第一講座・客員教授)

2013. 1. 15
医学部 5号館
201号室

HUPO C-HPP: 第3染色体日本チームによる完全長トランスクリプトームに基づく新規タンパク質データベース (H-EPD) 構築と展望

今回は、世界ヒトプロテオーム機構(HUPO)とHUPOが主導する国際共同研究であるヒト染色体プロテオームプロジェクト(Chromosome-centric Human Proteome Project:C-HPP)について、その成り立ちからプロジェクトの進捗・展望などをお話しいただき、大変勉強になりました。私が高校生のころヒトゲノムプロジェクトが始動し、遺伝子が分かれば全ての生命現象が解明できるのではないかと、当時は胸を躍らせた。それから10年以上経った現在、H-Invitational Data base(H-InvDB)に登録されているタンパク質をコードする遺伝子の約15%が“missing protein”である20-79アミノ酸からなるshort proteinをコードしており、西村先生らの機械学習法を用いた質量分析法で同定が困難とされてきたshort proteinが同定され始めているということに驚きました。これらのshort proteinは血液中に存在する可能性が高いと考えられ、これがbiomarkerとして有用であることも予想され、今後臨床検査に用いられ新しい診断方法が確立されるのではないかと期待がふくらみました。また、その情報が統合され西村先生の目指すタンパク質のエンサイクロペディアが構築されれば、私たちはより広く正確な情報の下に研究をすることが可能となり、その実現に大きな期待をもちました。

佐藤 勇樹 (生物化学分野・大学院生)



西村 俊秀先生



阪大・東城博雅先生



大学院生の感想

これまで原因と結果が1対1対応であると思っていたことも、実際はそうではなく、様々な事象が絡んでいることが少し理解できました。

カットオフしてきた小さいタンパク質がそれなりに存在して、それを解析することの難しさについて理解できました。

Short proteinの世界は見落としてきた部分であり、大変ためになりました。



五十嵐和彦教授

