

## GPCR-G タンパク質共役機構を理解するための G タンパク質アミノ酸配列の物理化学的性質

ガンガ D ギミレ<sup>1</sup> 今井賢一郎<sup>2</sup> 赤沢史嗣<sup>1</sup> 辻敏之<sup>2</sup>  
園山正史<sup>2</sup> 美宅成樹<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>東京農工大学大学院 生命工学科

<sup>2</sup>名古屋大学大学院 工学研究科

\*E-mail: mitaku@nuap.nagoya-u.ac.jp

### 要旨

Gタンパク質は物理的相互作用によってGタンパク質共役型受容体と結合する。そして、その結合は両者のタンパク質のアミノ酸配列によって発現している。Gタンパク質における結合領域はC端およびN端にあり、その物理化学的性質を解析し、Gタンパク質の $\alpha$ サブユニットの4ファミリー ( $\alpha_s$ ,  $\alpha_{i/o}$ ,  $\alpha_{q/11}$ ,  $\alpha_{12/13}$ ) およびそのサブファミリーを分類する方法を開発した。C端の100残基の解析によって、 $\alpha$ サブユニットの4ファミリーを分類できること、さらにN端の60残基の解析を行うことでサブファミリーの分類できることが分かった。Gタンパク質という結合相手の物理的性質についての情報を得たことを基に、Gタンパク質共役型受容体の分類予測法の可能性を議論した。

キーワード：GPCR、Gタンパク質、シグナル伝達、プロテオミクス、バイオインフォマテイクス

領域区分：分子生物学における情報計算技術