

ホーム

ア-



ログアウトします。

ログアウト

TOP NEWS

「ビジネスは生物多様性問題を解決する1つのチャンネル」、国際自然保護連合

続きを読む

TOP NEWS

慶応大、ヒト転写因子の相互作用を網羅的に解析、IVV法で

続きを読む

● BTJアカデミックとは

大学や公的研究機関の個人向けに研究・教育に特化したバイオ情報を提供する有料のオンラインサービス

詳しくはこちら

● 新規お申し込み/解約

● お問い合わせ

BTJメールマガジン

BTJ/HEADLINE/NEWS

日経BP社バイオテクノロジージャーナル (BTJ) が原則として週3回配信する無料サービス

お申し込み/配信停止

関連サイト

▶ FoodScience

食の安全への関心の高まりや機能性食品市場急拡大を受け、食の機能と安全を科学的に報道する専門サイト

▶ Pharma Business

法人契約に対応した従量課金制オンライン情報提供サービス。主な内容はNBTオンラインと日経バイオ年鑑

▶ 皆のホームページ

期間 2009 12 - 2010 2

検索語

検索

BTJジャーナル ダウンロード

PR

analytica 2010 前売券 発売中 分析/ラボ/バイオ技術が

2010-02-24 09:00:01 new

有料

慶応大、ヒト転写因子の相互作用を網羅的に解析、IVV法で



慶応義塾大学先導研究センターの宮本悦子准教授と、同大学理工学部の柳川弘志教授らは、たんぱく質の相互作用の有無

とその相互作用領域 (IR) を、一度に網羅的に解析できることをヒト転写因子で示した。研究チームで開発を続けてきたIn Vitro Virus法 (IVV法) を用いた。

IVV法は、完全長たんぱく質のC末端にmRNAが結合したIVV分子を用いて、それを結合するたんぱく質や分子を発見する、分子間相互作用解析の技術だ (関連記事)。たんぱく質相互作用解析では、酵母ツーハイブリッド法 (Y2H法) や、TAP-MS法などが広く用いられている。これらの手法とIVV法の違いは、IVV法が生きた細胞を使わないことにある。無細胞たんぱく質合成系で合成したIVV分子ライブラリーを、相互作用解析の対象になるたんぱく質 (ベイト) と試験管内で反応させ、たんぱく質の相互作用を検出するのだ。

試験管の中でできた複合体を拾い出し、たんぱく質のC末端に結合しているmRNAをRT-PCRにかけ、シーケンスすると、相互作用しているたんぱく質の設計図である遺伝子をたどれる。慶大の

BTJアカデミック版

昨日のランキング

- 1位 東京大学、フラージェンベクターによる動物体内への遺伝子送達に初めて成功
2位 東京都臨床研、東北大、オートファジーの失敗が生体防御システムのスイッチを入れる機構を発見
3位 国際アブラムシゲノムコンソーシアム、理研、基礎生物学研、アブラムシのゲノムを解読
4位 海外発表、University of Wisconsin-Madison、iPS細胞

バイオと医療関係者のまったく新しいネットワークシステム。インターネット上から簡単に投稿いただけます

バイオテクノロジージャパン (BTJ)

バイオテクノロジーの研究や産業化に携わる皆さんの情報サイト。日経バイオテク・オンラインの有料記事を含め、毎日20本以上のニュースをお届けしているほか、「皆のホームページ」をはじめコミュニティのネットワーク化を推進しています。

[サイトマップ](#)

チームは、キアゲンと共同で実験の自動化を進め、シーケンスデータを入力すると自動的に遺伝子リストが得られるシステムを富士通と開発し、大規模解析にも耐えられる体制を作った。

研究チームは今回、ヒトの転写因子について、相互作用の対象およびそのドメイン情報である相互作用領域の大規模データを解析した。96穴プレートを使った相互作用のセレクションでは、およそ1000個の相互作用が見つかった。50のヒト転写因子を含む70のペイトを用いたが、1つのペイトあたり検出できる相互作用の数は15~20個と、Y2H法やTAP-MS法より多くの相互作用を拾い出せた。得られたデータのうち、信頼性が7割以上のものについてバイオインフォマティクス解析を行い、生細胞内に同時に現れているたんぱく質が、IVV法でも実際に「相互作用あり」と見なされていることを確認した。また、IVV法で求めたIRのデータと、プロテインデータバンクに収納されていたたんぱく質相互結合部位のデータは一致することが分かった。

IVV法で、たんぱく質が相互作用する際の領域を突き止められると、単独では構造解析が難しい、ディスオーダー領域を持つたんぱく質でも複合体形成によって構造が決められるかもしれないという期待がある。シグナル伝達因子や転写因子はディスオーダー領域を多く持っているため、構造解析が難しかった。だが相互作用の相手や領域の情報がつかめれば、複合体としての結晶構造解析が可能かもしれない。

慶大のチームが参加している文部科学省のゲノムネットワークプロジェクトでは、いくつかの研究チームがたんぱく質の相互作用解析にIVV法を用いている。それらの各チームによる研究からも成果が出つつある。睡眠と覚醒に関する遺伝子発現の解析からは、睡眠によって変化すると見られる相互作用が検出された。また、免疫系の中の、ウイルス防御システムの制御に関する相互作用も発見されている。

慶応大学では、2010年夏には、今回の成果に基づくIR情報に公共データベースのアノテーション情報を付加したデータベースを公開予定だ。柳沢教授らが次に注目しているのは、次世代シーケンサー技術だ。IVV法は最終段階でシーケンスが

[とES細胞の違いを確認、巻き戻し因子を含まなくてもES細胞とは違う](#)

5位 [日本核医学会など、放射性イメージング薬ガイダンスを提案、分子イメージング研究の出口の課題解消を求める](#)

6位 [日本学士院学術奨励賞の受賞者6人が決定、バイオ関連は東大弥生キャンパスの2人、後藤由季子教授と東原和成教授](#)

7位 [米Children's Hospital Boston、テロメアが短くなる疾患の患者から樹立したiPS細胞から分かったこと](#)

8位 [続報、約20年で450億円を投じた文科省ゲノムプロジェクト、最終成果公開シンポに300人、2010年度からは「支援」に徹する](#)

9位 [海外発表、米RainDance社、次世代シーケンサー関連製品で米Applied Biosystems社と戦略的提携合意](#)

10位 [海外発表、英Oxford大学とNova Bio-Pharma社、トレハロースを使って高温でも安定なワクチン技術を開発](#)

不可欠であるが、高速シーケンサーで網羅的シーケンスを短時間で完了できれば、より希少なたんぱく質-たんぱく質相互作用でも検出できるようになるかもしれない。「高速シーケンサーにはたんぱく質の相互作用を解析できるツールはないため、IVV法は高速シーケンサーのアプリケーションとしても魅力があると思う」と宮本准教授は話した。ヒト転写因子の網羅的に関する研究成果はPLoS ONE誌に2010年2月23日に発表した。(増田智子)

+BTJJ+

Copyright(c) Nikkei Business Publications, Inc.
All Rights Reserved



▶ 日経BPとは ▶ 著作権 ▶ セキュリティについて ▶ 環境保護への取り組み ▶ お問い合わせ
▶ 個人情報保護方針/ネットにおける情報収集について/個人情報の共同利用について

Biotechnology Japan

当サイトの内容・画像等の
無断コピー・転載をお断りします。
Copyright(c) Nikkei Business Publications Inc.
2010