
慶応大学がIVV法をハイスループット化
たんぱく質相互作用の網羅解析へ



慶應義塾大学理工学部生命情報学科の柳川弘志教授と宮本悦子専任講師のグループは、*in vitro virus*法（IVV法）を使った、たんぱく質相互作用のハイスループットな解析システムを構築した。煩雑だった実験系を単純化するとともに、実験から出てくる膨大なデータの解析を高速化するソフトも富士通と共同で開発した。詳細は*Genome Research*誌5月号で発表する。

[この続きは日経バイオテク・オンラインへ](#)

日経バイオテク オンライン
ON-LINE
NIKKEI BIOTECH

<http://biotech.nikkeibp.co.jp/news/detail.jsp?id=20029634>

慶応大学がIVV法をハイスループット化
たんぱく質相互作用の網羅解析へ

慶應義塾大学理工学部生命情報学科の柳川弘志教授と宮本悦子専任講師のグループは、*in vitro virus*法（IVV法）を使った、たんぱく質相互作用のハイスループットな解析システムを構築した。煩雑だった実験系を単純化するとともに、実験から出てくる膨大なデータの解析を高速化するソフトも富士通と共同で開発した。詳細は*Genome Research*誌5月号で発表する。

IVV法は、たんぱく質とそのたんぱく質をコードしたmRNAを、抗生物質の一種のピューロマイシンで結合し（*in vitro virus*）、mRNA、つまり遺伝子の部分を増幅することでたんぱく質を簡単に検出できるという方法。cDNAライブラリーから発現させたmRNAの3'末端にリンカー付きのピューロマイシンを結合させ、無細胞翻訳系でたんぱく質を合成することで*in vitro virus*のライブラリーが作製できる。

あるたんぱく質を標的（ベイト）として、多種のin vitro virusを反応させると、相互作用のあるものは結合する。結合したin vitro virus、つまりたんぱく質の同定は、RT-PCR法でmRNAの部分を増幅して配列を解析することで容易にできる。

一度抽出したin vitro virusについて、cDNAライブラリーを作り、そこからさらにin vitro virusを作製、ベイトたんぱく質と再度反応させるというステップを繰り返すことで、ベイトたんぱく質に親和性が高いたんぱく質を濃縮できることも大きな特徴だ。これによって、質量分析法よりも高い感度を実現するとともに、偽陽性の出現率も格段に低くできるという。

たんぱく質間相互作用解析の代表的な手法であるイーストツーハイブリッド法と比べても、すべての実験をin vitroで行うため、細胞毒性が強いたんぱく質の解析が可能で、1対1のみならず、複数のたんぱく質が結合する複合体の解析も一度にできるといった利点がある。

IVV法は、柳川教授らが開発し、10年がかりで改良を進めてきた手法。「ハイスループットの解析システムを完成させたことで、ようやくデータを量産する体制ができあがった」（柳川教授）。柳川教授らは、文部科学省のゲノムネットワークプロジェクトに参加しており、ヒトの転写因子を中心に、数千の相互作用データを2年以内に蓄積することを次の目標と置いている。

IVV法を使ったたんぱく質相互作用解析は、既にゾイジーンが受託解析や共同研究で事業展開している（関連記事）