

# 指向性進化法・Deep Mutational Scanによるタンパク質の網羅的機能評価、ならびに機能改変

## ① 共同研究・産学連携への意気込み



講師  
星野 温

各種タンパク質の1アミノ酸変異ライブラリによる網羅的機能評価と変異を組み合わせることで高機能タンパク質の作製を行っています。

## ② 想定される連携先・移転先

これまでにゲノム編集ツールやウイルス中和蛋白製剤の開発に成功しています。いろいろなタンパク質に対して応用が可能です。

## キーワード

バイオエンジニアリング、指向性進化法、DMS

## 研究内容

目的タンパク質の全1アミノ酸変異ライブラリによるタンパク質の機能変化の網羅的評価（DMS：Deep mutational scan）、ならびに指向性進化による目的タンパク質の機能評価や改変に取り組み、さらにDMSから得られる膨大なデータを蛋白構造データと組み合わせて機械学習することで目的タンパクの機能改変技術の高度化を目指しています。これまでにSARS-CoV-2の感染受容体であるACE2に対して指向性進化法でスパイク蛋白との結合力を100倍に高めて、オミクロン株を含むウイルス逃避変異を克服する中和蛋白製剤の開発に成功しています。またゲノム編集ツールであるABE（Adenine Base Editor）に対してDMSを行い、編集機能向上変異を同定し、それを組み合わせることで高機能ABEの作製にも成功しています。下記はDMSの概要で、最終的に各アミノ酸において20種類のアミノ酸変異による機能変化が網羅的に評価されます。

