人工系による評価システム研究

研究開発課題名: 超並列たんぱくプリンタシステムの開発

チームリーダー: 野地 博行 (東京大学 大学院工学系研究科 教授)

共同研究機関: 立教大学 東京大学

目的:

超並列遺伝子合成法と超並列スクリーニング技術を開発・統合し、たんぱくをプロトタイピングする「超並列たんぱくプリンタ」システムを開発 する。そしてGX酵素のプロトタイピングを行い優れた酵素を開発する。

研究概要:

古典的な酵素探索では、候補遺伝子をクローニングし大腸菌などを用いて発現・精製・評価 を行う。しかしながら、細胞培養・精製などの手間に加え、コスト及び作業の複雑さから10³⁻⁴ を超える種類の酵素を一度に合成・評価することは現実的に不可能である。酵素探索・開発 のボトルネックを解消するために、以前我々が開発した無細胞技術による酵素スクリーニング技 術を刷新する。使いやすく安価な目的遺伝子回収技術と計測モダリティ拡張により蛍光基質 以外にも対応できる酵素活性評価技術を備えた汎用型の超並列高活性酵素スクリーニング 技術へと進化させる。並行してDNAバーコード技術と無細胞DNA連結・増幅技術を融合さ せ、比較的安価なオリゴプールから複数の酵素遺伝子を無細胞合成する技術を開発する。そ れらを統合し、超高速に多種類の酵素を合成し性能評価するプロトタイピング技術、すなわち 「たんぱくプリンタ」を開発する。GX酵素のプロトタイピングを行い、カーボンニュートラルに資する 優れた性能をもつ酵素を開発する。





Research into evaluation systems using artificial systems

R&D Project Title : Development of ultra-parallelized protein printer system

Project Leader : Hiroyuki NOJI Professor, Graduate school of Engineering, The University of Tokyo

R&D Team : Rikkyo University, The University of Tokyo

Summary :

In enzyme screening, conventional protocols employ cell-based cloning, and cell cultivation, which are followed by purification procedures. Due to the laborious and time-consuming procedures, it is practically impossible to synthesize and evaluate more than 10^{3-4} types of enzymes with different origins at once, despite of high demands for such high throughput.

In order to address these bottlenecks, we will upgrade our previously developed cell-free enzyme screening technology in order to realize massively parallel and highly precise enzyme screening in a user-friendly and cost-effective way. For this purpose, we will integrate various cell-free technologies such DNA barcode technology, oligo assembly, recursive DNA isothermal, and cell-free gene expression systems. After effectively integrating these systems in a microchip, we will develop the protein prototyping technology, "protein printer," that enables high through put screening for GX enzymes that contribute to carbon neutrality.



