

蛋白質的序列篩選

本院覽號

28A-990524

公告日期

智財權狀態

美國臨時案已申請

摘要

本發明為一個計算機演算法，應用於設計蛋白質與蛋白質之間相互作用的氨基酸序列組成。此計算機演算法根據已知蛋白質結構資訊，統計蛋白質結構內的原子間相互作用的空間分布、蛋白質表面與水分子的作用以及蛋白質結構的保留性並製作成知識資料庫。再利用此資料庫來設計蛋白質表面的胺基酸序列以辨識選定的分子結構。

技術優勢

目前單株抗體的發展平台主要是基於動物免疫系統的反應或是抗體庫的隨機篩選。這兩種平台除了在尋找適合的抗體上有限制之外，成本也相當昂貴。而使用電腦來設計，提供了一個新的發展平台，並節約發展的成本與時間。然而，目前以電腦為基礎的方法受到兩個限制。其一是合適的抗體與抗原之間相互作用能量的計算方法，其二是抗體-抗原相互作用介面的序列組合與結構型的搜尋策略。此項發明針對這兩個問題提出了一個解決方案，其計算結果並經過實驗數據的評估。根據針對血管內皮生長因子(VEGF)的抗體上 30 個與抗原結合位置的胺基酸序列組合的篩選實驗，此項發明的預測結果，相較於隨機篩選，可以降低約1020 的複雜度。因此，根據此一評估結果，此項發明可以大幅度的降低實驗成本與抗體工程的複雜度。

應用範圍

抗體設計、蛋白質相互作用設計、蛋白質工程。

創作人

楊安綏、蔡耿彰、陳俊柏、陳鯨太、楊翊文、彭洪斌



中央研究院
ACADEMIA SINICA