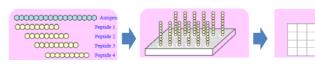
# 酵素消化を利用した 抗体医薬品のエピトープマッピング

# 



通常法では、ペプチドライブラリーを作成し、ELISA法によって解析



①抗原タンパク質の 全アミノ酸配列を カバーするペプチド ライブラリーを作成

②ペプチドのマイクロ プレートへの固相化 ③ELISAによる シグナル解析

メリット:エピトープを数残基レベルにまで絞り込んで決定可能 デメリット:エピトープの性質によっては決まりにくい場合がある 長大タンパク質の場合は費用・手間が大きい

### 東レリサーチセンターで実施している手法

#### 3つの手法の組み合わせで解析

①酵素消化

②免疫沈降

3LC-MS/MS



















①抗原と抗体を混合し 複合体を形成

②タンパク質分解酵素を添加し部分消化

③Protein A/G固相化 ビーズを添加、洗浄 ④酸溶出、 前処理

メリット: ライブラリー法で決まらないエピトープ情報も得られる可能性 デメリット: 大まかな位置を推定する方法(配列と酵素選択による)

酵素条件等の検討が必要

### 解析事例

#### 抗IFN-β抗体

(PDB ID: 4AD7)

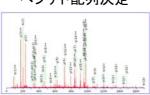


LC-MS/MS測定



Q-TOF

#### MS/MSデータから ペプチド配列決定



Peptide EYSHCAWTIVR 既存法よりエピトープを 絞り込むことに成功

- 1 MTNKCLLQIA LLLCFSTTAL SMSYNLLGFL QRSSNFQCQK LLWQLNGRLE 50 51 YCLKDRNNFD IPEEIKQLQQ FQKEDAALTI YEMLQNIFAI FRQDSSSTGW 100 101 NETIVENLLA NVYHQINHLK TVLEEKLEKE DFTRGKLMSS LHLKRYYGRI 150
- 151 LHYLKAKEYS HCAWTIVE VE ILRNF FINR LTGYLRN 187

