

平成19年度実施方針

バイオテクノロジー・医療技術開発部

1. 件名：(プログラム名) 健康安心プログラム
(大項目) ゲノム創薬加速化支援バイオ基盤技術開発
(中項目) 化合物等を活用した生物システム制御基盤技術開発

2. 根拠法

独立行政法人新エネルギー・産業技術総合開発機構法第十五条第1項第二号

3. 背景及び目的・目標

近年、創薬の研究開発コストの増大、新薬承認件数の減少等により、創薬に関わる企業負担と開発リスクが増大している。最近のゲノム研究及びポストゲノム研究の進展により、ヒトゲノム配列が解読され、さらに疾患に関連するタンパク質等が解明されていることから、現在数百ある創薬ターゲットの数は10倍以上に増加すると期待されている。このため、今後の創薬国際競争においては、創薬プロセス初期のターゲット探索段階において、いかに確実に創薬につながる新たな創薬ターゲットを確定することが極めて重要になっている。また、創薬候補の化合物についても、コンビナトリアルケミストリーの進展により化合物の種類は急速に増加したものの、創薬ターゲットにヒットする化合物の増加には必ずしも結びついていない状況である。こうした状況の中、欧米では、化合物の探索を含めた研究開発が進行しており、このため我が国においても生物機能を制御する新規骨格化合物等を探索・評価する技術開発を推進することが必要である。

本研究開発では、ポストゲノム研究の産業利用が期待される「ゲノム創薬」の加速を支援するため、我が国の強みとする完全長cDNAリソースや、世界最高レベルのタンパク質の相互作用解析技術等を最大限に活用し、創薬ターゲット候補となりうるタンパク質相互作用の解析等により創薬ターゲット候補の絞り込みを行うとともに、疾患等の生物現象を制御する新規骨格化合物等の探索・評価を行うための技術開発を行うことにより、創薬等の研究開発を加速する。これによりバイオテクノロジーの産業化において有用な知見が蓄積しバイオ産業の情報基盤を強化する。また個別化医療や画期的な新薬の創出の期待ができるとともに、我が国バイオ産業の競争力強化・新産業の創出を図り、国際的優位性を確保することを目的とする。

[委託事業]

中間目標(平成20年度末)

タンパク質の相互作用解析技術の高速化・高感度化に目途をつけるとともに、疾患に係わるタンパク質相互作用等を解析し、創薬ターゲット候補となる新規の重要なタンパク質相互作用情報を250以上同定する。また、疾患を制御する化合物の探索・評価技術の開発に目途をつけ、産業上有用な化合物等を25以上取得する。

最終目標(平成22年度末)

超高速・高感度にタンパク質の相互作用を解析する技術を開発し、疾患に係わるタンパク質相互作用の解析等を行うことにより、創薬ターゲット候補となる新規の重要なタンパク質相互作用情報を500以上同定する。また、得られた情報を元に、創薬ターゲットや疾患メカニズムの解明を行うとともに、疾患を制御する化合物の探索・評価技術を開発し、産業上有用な化合物等を50以上取得する。

4. 実施内容及び進捗(達成)状況

平成18年度より、産業技術総合研究所生物情報解析研究センター夏目徹チーム長をプロジェクトリーダーとして、以下の研究開発を実施している。

4.1 平成18年度(委託)事業内容

《社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム(JBiC)》

【タンパク質の相互作用解析等により創薬ターゲット候補・疾患メカニズムを解明する技術の開発】

①タンパク質相互作用ネットワーク解析技術の開発

タンパク質相互作用のネットワークを超高感度・高速で解析するために、質量分析システムを改良した。具体的には、細胞からのタンパク質複合体精製工程とノイズゼロサンプル導入システムのロボット化を目指しており、18年度はそれぞれ、細胞回収までの自動化、オートサンプラー部分の開発を実施した。また、課題解決型企業連携により疾患関連タンパク質と相互作用するタンパク質、及び創薬候補化合物に対する標的タンパク質の同定を行った。

(実施体制:(社)バイオ産業情報化コンソーシアム、アプライドバイオシステムズジャパン、味の素、アステラス製薬、エムバイオテック、協和発酵工業、三共、大鵬薬品工業、田辺製薬、東レ、日本化薬、三菱ウエルファーマ、ナラプロ・テクノロジーズ、インテック・ウェブ・アンド・ゲノム、共同研究:(独)産業技術総合研究所、岐阜大学、群馬大学)

②タンパク質相互作用情報の検証技術の開発

細胞内でのタンパク質相互作用を検証するため、標的タンパク質に特異的に結合する抗体様分子プローブを高速に作製する基盤技術を確立し、これに対応した自動化装置を作製した。これにより得られた分子プローブによって、標的タンパク質の形成するタンパク質複合体を特異的に回収して解析できることを明らかにした。

(実施体制:(社)バイオ産業情報化コンソーシアム、ピアコア、インビトロジェン、プロテイン・エクスプレス、ジーンフロンティア、共同研究:(独)産業技術総合研究所、大阪府立大学)

③タンパク質相互作用予測技術の開発

標的となる2つのタンパク質情報から相互作用ドメインを予測する構造シミュレーションシステムのプロトタイプを構築した。このシステムを用いて実際に標的タンパク質間の相互作用予測を開始し、これにより実験結果を説明できるモデルも作製した。このモデルについては、さらに化合物探索にこのモデルを利用し、*in silico*スクリーニングで絞り込んだ化合物の中から相互作用に影響を与える化合物が存在することを実験で確認することができた。

(実施体制:(社)バイオ産業情報化コンソーシアム、大鵬薬品工業、共同研究:(独)産業技術総合研究所)

④疾患関連遺伝子探索技術の開発

機能未知の液性因子をコードする遺伝子について、High speed knock-in(HSKI)システムを用いた網羅的な*in vivo*機能解析に着手した。具体的には、特に胚発生期での発現に着目して選抜した遺伝子について培養細胞による分泌チェックを実施した。また分泌が確認された遺伝子を高発現するノックインキメラマウスの作製及び解析を実施し、計21種の遺伝子について全表現型データ(体重・一般状態、血液生化学、血球、各種サイトカイン濃度、組織病理)の取得を完了した。

(実施体制:キリンビール株式会社、共同研究:早稲田大学、大阪大学大学院医学系)

【生物機能を制御する化合物等を探索・評価する技術の開発】

⑤化合物等の探索技術の開発

メモリーダイ法によりタンパク質間相互作用をプレートリーダーにて高効率に検出するためにミラーやフィルターの検討を行ない3倍のシグナル増強を達成した。また、メモリーダイに使用する蛍光タンパク質自体の改良も行ない、蛍光タンパク質の蛍光輝度を2倍アップさせた。

タンパク質間相互作用を制御する化合物を探索する、スクリーニング系として蛍光技術を応用し、*in vitro*および細胞レベルで天然物サンプルに適用可能なハイスループットアッセイシステムを構築した。また、このタンパク質間相互作用アッセイ系を含む数種のスクリーニング系に対して天然物サンプルを用いてスクリーニングを行った。また、タンパク質相互作用等を指標としたスクリーニング系の構築が困難な疾患関連遺伝子については、遺伝子改変酵母やショウジョウバエ突然変異体等の開発に着手した。

(実施体制：(社)バイオ産業情報化コンソーシアム、アマルガム、医学生物学研究所、インビトロジェン、メルシヤン、共同研究：(独)産業技術総合研究所、(独)理化学研究所和光研究所・神戸研究所、(独)製品評価技術基盤機構、大阪大学微生物病研究所、北海道大学、東京大学新領域創成科学、首都大学東京、長浜バイオ大学)

⑥化合物等の高機能化技術の開発

スクリーニングにより得られた生体機能を制御する化合物について、化合物の誘導体化技術開発や新規骨格化合物の創製技術開発等を行い、これにより生理活性等を高める高機能化技術の開発に着手し、環状ペプチドライブラリーの高速合成技術および天然物類似の新規骨格化合物の創成技術を開発した。

(実施体制：(社)バイオ産業情報化コンソーシアム、東レ、旭化成ファーマ、共同研究：東京工業大学、東京大学先端科学技術研究センター)

⑦化合物等の評価技術の開発

スクリーニングにより得られた化合物の働きを個体レベルで評価するために必要な種々の遺伝子改変マウス、疾患モデル動物の準備・開発を行なった。18年度はそれらのマウスを対象に、*in vivo* 蛍光顕微鏡を用いて、同一個体における蛍光発現動態の観察技術の確立を行い、同時に生体脈動補正の技術開発を進めた。

97種類の標準薬剤および50種類の抗癌剤を各種ヒト培養細胞株に、また2種類の化合物をラットに曝露し、総計600を超す遺伝子発現プロファイルを取得して解析し、化合物等の生物学的活性(薬効と毒性)を基盤研究段階で評価する技術の開発に着手した。

(実施体制：(社)バイオ産業情報化コンソーシアム、オリンパス、東レリサーチセンター、ニッポンジーン、共同研究：(独)産業技術総合研究所、(独)理化学研究所筑波研究所、東京大学情報理工学系、北海道大学、東京医科歯科大学)

《バイオテクノロジー開発技術研究組合(バイオ組合)》

生活習慣病のなかで大きな割合をしめる糖尿病を中心に感受性遺伝子群のネットワーク解析技術、siRNA ライブラリー等を用いた生物機能制御遺伝子探索技術、タンパク質相互作用計測技術を組み合わせ、創薬ターゲット分子を得る簡便で効率の良いゲノム創薬技術の開発を実施する。

【マイクロサテライトマーカーを利用した疾患関連遺伝子探索技術により特定された疾患感受性遺伝子群の創薬価値抽出技術の研究開発】

平成18年度はリウマチ感受性候補領域 47 領域に関して広範なゲノム情報と遺伝子情報等の *in silico* 解析により、創薬ターゲットとして有望なリウマチ感受性候補遺伝子を 5 個同定した。また、生活習慣病の原因遺伝子と予想される高血圧感受性遺伝子 LPIN1、SMOC2 に関して、

RT-PCR により発現の組織特異性を調べたが、公開されているアレイデータとは異なる結果となった。その他、脂肪細胞分化系、哺乳類発現系等を作成した。また、リウマチの感受性遺伝子 NFKBIL1 の解析用にノックアウトマウスを作製した。

(実施体制:ジェノダイブファーマ株式会社、共同研究:東海大学医学部猪子研究室)

【siRNA ライブラリー等を用いた生物機能制御遺伝子の探索技術及び創薬標的検証技術の研究開発】

平成18年度は薬剤に応答して糖の生産能力を評価できる肝臓由来の培養細胞系を構築した。この系を用いて任意の市販化合物を評価し妥当なアッセイ系であることを確認した。さらに、90%以上の導入効率で siRNA を導入できる系を確立した。

(実施体制:アステラス製薬株式会社、共同研究:東海大学医学部平山研究室、北里大学薬学部長瀬研究室)

【化合物又は相互作用を探索、評価する基盤技術の研究開発】

金ナノセンサーを用いた相互作用解析技術では糖尿病との関わりが示唆されている PPARA と RXRA の断片を固定化し、相互作用を確認した。また、卵母細胞発現系を用いた遺伝子機能解析技術では糖尿病治療薬メトホルミンの薬理作用とトランスポーターの関わりを明らかにするために、OCT ファミリーの卵母細胞での機能解析系を構築し、OCT1 と OCT2 遺伝子の卵母細胞での発現を確認した。さらに、メトホルミンの輸送活性についても文献値と同様な結果を得た。

(実施体制:株式会社日立製作所)

4.2 実績推移

	18年度	19年度	20年度	21年度	22年度
	JBiC	JBiC	JBiC	JBiC	JBiC
	バイオ組合	バイオ組合	バイオ組合	バイオ組合	バイオ組合
実績額推移 ①一般会計 (100万円)	*2,492				
	140				
特許出願件数(件)	5				
	0				
論文発表数(報)	96				
	0				
フォーラム等(件)	122				
	1				

*:232 百万円を春加速として追加

5. 事業内容

5.1 平成19年度事業内容

《社団法人バイオ産業情報化コンソーシアム(JBiC)》

【タンパク質の相互作用解析等により創薬ターゲット候補・疾患メカニズムを解明する技術の開発】

①タンパク質相互作用ネットワーク解析技術の開発

サンプル測定系のロボット化などにより、タンパク質間相互作用ネットワーク解析技術の更なる

高感度化・自動化・ハイスループット化をはかる。特に、プルダウンロボットの開発を中心におこなう。具体的には、ビーズ処理などの実験技術を改善し、プルダウンの自動化・ハイスループット化をおこなう。この解析技術の導入により、生活習慣病・神経変性疾患・癌などの幅広い疾患領域の発症メカニズムを解明し、新規な創薬ターゲット候補となるタンパク質相互作用情報の同定をおこなう。それとともに、低分子生理活性化合物のターゲットタンパク質を同定する技術を開発する。具体的には、あらゆる化合物とそのターゲットタンパク質を高効率にプルダウンする技術である。この開発を進め、課題解決型企業連携によりターゲットタンパク質の同定を行う。

(実施体制: (社)バイオ産業情報化コンソーシアム、アプライドバイオシステムズジャパン、味の素、アステラス製薬、エムバイオテック、協和発酵工業、三共、大鵬薬品工業、田辺製薬、東レ、日本化薬、三菱ウエルファーマ、ナラプロ・テクノロジーズ、インテック・ウェブ・アンド・ゲノム、共同研究: (独)産業技術総合研究所、岐阜大学、群馬大学)

②タンパク質相互作用情報の検証技術の開発

相互作用の探索および検証のためのヒト遺伝子のリソースとして、cDNAをGateway化したヒト・エントリークローンおよび変異エントリークローンの作製を行う。また、これらエントリークローンのcDNAから発現させた組換えタンパク質を使い、創薬ターゲット候補となるタンパク質を含む複数のタンパク質の相互作用を*in vitro*で再構成する技術を開発する。この再構成系を利用して、部分的な欠失や置換を持たせた変異タンパク質の相互作用を解析することによって創薬ターゲット候補の相互作用部位を推定可能にする。次に、創薬ターゲット候補に特異的に結合する分子プローブを多数作製する。このとき、相互作用再構成系と*in silico*のタンパク質相互作用予測技術によって推定される相互作用部位に結合する分子プローブを主に作製する。各分子プローブを相互作用再構成系に加えて、結合によって相互作用を制御(阻害、促進、模倣など)する機能を持つ分子プローブを選抜する。この分子プローブは、創薬ターゲット候補の相互作用を制御した場合に得られる効果を化合物の開発に先だって検証可能にする。さらに、各分子プローブを改変し、相互作用の制御機能を細胞内でも果たすイントラボディーを作製し、これによって細胞内で特定の相互作用だけを特異的に制御し、これが疾患に関連した形質に及ぼす効果を細胞レベルで解析可能にする。

(実施体制: (社)バイオ産業情報化コンソーシアム、ピアコア、インビトロジェン、プロテイン・エクスプレス、ジーンフロンティア、共同研究: (独)産業技術総合研究所、大阪府立大学)

③タンパク質相互作用予測技術の開発

タンパク質間相互作用ネットワーク解析実験から得られる優先度の高い標的相互作用情報からタンパク質-タンパク質相互作用モデルを構築し、スクリーニング候補となる化合物約300万件をドッキングシミュレーションに基づく*in silico*スクリーニングで予測する。この予測結果である阻害候補化合物を*in vitro*評価系で生物活性評価を行い、結果を相互作用解析チーム、天然物スクリーニング、合成チームにフィードバックする。また、ヒット化合物間での相互作用の共通性を計算機で定量化し、化合物の最適化も行う。相互作用モデル構築のシステムはH18年度でほぼ完成しているが、H19年度も引き続き改良を加えていく。具体的には、分子動力学シミュレーション技術の導入による高精度化を目指した改良を行う。

(実施体制: (社)バイオ産業情報化コンソーシアム、大鵬薬品工業、共同研究: (独)産業技術総合研究所)

④疾患関連遺伝子探索技術の開発

液性因子/受容体相互作用に着目し、機能未知の液性因子をコードするcDNAについて、High speed knock-in (HSKI)システムによりノックインキメラマウスを作製し、表現型解析を実施

する。生理活性を示した遺伝子については、疾患との関連性検討や作用メカニズム解明のための二次評価を実施する。具体的には、H19年度末までには、250種の候補遺伝子選定と分泌チェックを完了し、分泌が確認された遺伝子100種についてノックインベクター構築を完了する。ノックインベクターを用いたジーンターゲットングにより、90種の遺伝子についてノックインESクローンを取得完了する。ノックインESクローンをを用いて80種の遺伝子についてキメラマウス作製を実施する。50種の遺伝子についてノックインキメラマウスの表現型一次評価(16週齢)を完了し、生理活性を示した遺伝子についての二次評価に着手する。

(実施体制:キリンビール株式会社、共同研究:早稲田大学、大阪大学大学院医学系)

【生物機能を制御する化合物等を探索・評価する技術の開発】

⑤化合物等の探索技術の開発

メモリーダイ法、FCCS(蛍光相互相関分光法)、FRET(蛍光エネルギー共鳴移動)、 α スクリーニング系などを使って、疾患関連相互作用を指標にスクリーニング系を多種構築する。過剰発現により細胞に障害をもたらすタンパク質を伴う相互作用においては、*in vitro*でのメモリーダイ測定系を構築する。スクリーニング系に応じて、蛍光タンパク質の蛍光特性の改変改良を実施する。メモリーダイ法での発現確認を行なうために、メモリーダイ法で使用する蛍光タンパク質の断片を特異的に認識できる抗体を作製する。

タンパク質相互作用等を指標としたスクリーニング系の構築が困難な疾患関連遺伝子については、モデル生物である酵母、ショウジョウバエ、マウスを用いたハイスループットかつ高精度な表現型スクリーニングシステムを構築する。具体的には、分裂酵母・出芽酵母にヒト完全長cDNAを導入・過剰発現し、致死等の表現型変化を引き起こす遺伝子を同定し、その致死効果の回復を指標として対象の遺伝子産物の特異的阻害剤を探索する。また、ヒト疾患関連遺伝子の出芽酵母ホモログ変異株を用いた薬剤探索系を確立し、スクリーニングを実施するとともに表現型解析を行うことにより、薬剤を評価する。ショウジョウバエの神経変性疾患モデル、糖尿病モデル、リウマチモデル等を用いて個体レベルの表現型に対する化合物の作用を高感度に検出するアッセイ系を構築し、スクリーニングを実施する。マウスを用いて、哺乳類体内時計(行動リズム)をモデル系とした転写ネットワークを制御する化合物の探索・同定方法の確立を行い、スクリーニングを実施する。

各製薬企業より供給されるサンプルも含め、多様な構造を有する天然物、特に微生物代謝産物をソースとして大規模な天然物ライブラリを整備・構築する。これらのライブラリを用いて、タンパク質間相互作用を指標にしたスクリーニングを中心にスクリーニングを展開する。特に癌、糖尿病に関しては、タンパク質間相互作用解析の結果明らかになった相互作用に基づき酵素活性や遺伝子発現など、疾患に関与する細胞内経路全体を狙ったアッセイ系も同時に確立しスクリーニングを行う。化合物同定を迅速に行うため、各種分析装置よりオンラインで化合物の同定が行えるデータベースの構築を進め、ヒット後の活性物質同定の効率化を進める。スクリーニングサンプル調製に関しては、製薬企業より分譲された菌株からのスクリーニングサンプルの調製を行うと共に、NITEと各菌株の遺伝子解析や二次代謝産物の成分分析を進め、有用微生物の集積化を進めると共に、様々な培養条件を検討し多様なスクリーニングサンプル調製を行う。

(実施体制:(社)バイオ産業情報化コンソーシアム、アマルガム、医学生物学研究所、インビトロジェン、メルシャン、共同研究:(独)産業技術総合研究所、(独)理化学研究所和光研究所・神戸研究所、(独)製品評価技術基盤機構、大阪大学微生物病研究所、京都大学、北海道大学、東京大学新領域創成科学、首都大学東京、長浜バイオ大学)

⑥化合物等の高機能化技術の開発

スクリーニングにより得られた生体機能を制御する化合物の活性を高めるため、天然物を母骨

格にもつ誘導体を合成した高機能天然物誘導体ライブラリを作製する。このため、誘導体を高速合成するために必要な合成ブロックの合成法の確立と自動化を図るとともに、高い多様性を有する3次元立体構造テンプレートを開発し、200種類の化合物ライブラリを構築し活性評価を行う。具体的には、天然物を母骨格にもつ誘導体についてコンビナトリアル合成を行い、誘導体を高速合成するために必要な合成ブロックの自動化を図る。3次元的に置換基を配置できる新規なラクタム化合物のコンビナトリアル合成を行い、活性を評価することで、タンパク-タンパク結合を標的とする新規な医薬品のリード化合物の探索を目指す。天然物を基にした3次元立体構造テンプレート(3D-Scaffold)を用いてコンビナトリアル合成を行い、化合物ライブラリーのスクリーニングを実施し、ヒット化合物の探索を行い、その結果を3D-Scaffold化合物ライブラリーの設計にフィードバックし、ライブラリーの高機能化を行う。

(実施体制:(社)バイオ産業情報化コンソーシアム、東レ、旭化成ファーマ、共同研究:東京工業大学、東京大学先端科学技術研究センター)

⑦化合物等の評価技術の開発

実験動物を用い個体レベルでの安全性及び薬効の評価システム構築のために、生体内イメージングの基盤技術を確認する。特にビジュアルスタビライゼーション技術を改良し、生体の脈動・拍動による画像のぶれを10um以下に抑えることを目標にする。疾患モデル動物の病態可視化のための蛍光プローブの確立、蛍光発現遺伝子動物の作製(2-3種類)を試みる。

約100種類の化合物および各種薬効・毒性標準品をヒト培養細胞およびラットに曝露して細胞・組織サンプルを調製し、独自のヒトおよびラット遺伝子マイクロアレイ・システムによってそれらのサンプルの遺伝子発現プロファイルを体系的に取得・解析し、化合物等の生物学的活性(薬効と毒性)を基盤研究段階で評価する技術を開発する。H19年度は、重点対象薬剤としてスタチン系を選択し、その中から複数種類選択してラットに曝露し、可能な限り多種類のラット組織の遺伝子発現プロファイルを解析することによって、これまで報告されていない遺伝子発現レベルを指標とした毒性情報の取得を試みる。また、将来的な実験動物代替毒性試験法への応用を考慮して、化合物曝露実験にヒト胎盤あるいは正常皮膚由来の正常細胞(ケラチノサイト等)を加える。さらに、製薬企業からの強い要望により、各種の抗癌剤に対して感受性の大きくことなる細胞株群について、各々取得した遺伝子発現プロファイルから抗癌剤感受性と相関する遺伝子群の同定を試みる。

(実施体制:(社)バイオ産業情報化コンソーシアム、オリンパス、東レリサーチセンター、ニッポンジーン、共同研究:(独)産業技術総合研究所、(独)理化学研究所筑波研究所、東京大学情報理工学系、北海道大学、東京医科歯科大学)

《バイオテクノロジー開発技術研究組合(バイオ組合)》

【マイクロサテライトマーカーを利用した疾患関連遺伝子探索技術により特定された疾患感受性遺伝子群の創薬価値抽出技術の研究開発】

生活習慣病の主因子と予想される高血圧感受性遺伝子 LPIN1 と SMOC2 を中心に質量分析システムや酵母 Two Hybrid 法等のタンパク質相互作用解析、発現制御解析、変異マウス個体を用いた機能解析等により感受性遺伝子を中心とした制御ネットワークを明らかにする。また、リウマチの原因のキーと考えられる感受性遺伝子 NFKBIL1 についても独自に作製したノックアウトマウスを用いてその発症メカニズムの解明を目指す。

(実施体制:ジェノダイブファーマ株式会社、共同研究:東海大学医学部猪子研究室)

【siRNA ライブラリー等を用いた生物機能制御遺伝子の探索技術及び創薬標的検証技術の研究開発】

H18年度の成果を踏まえ、H19年度は糖産生能を指標とした siRNA スクリーニングを実施する。また、核内受容体の構造情報から化合物の設計・合成と評価を行う。

(実施体制:アステラス製薬株式会社、共同研究:東海大学医学部平山研究室、北里大学薬学部長瀬研究室)

【化合物又は相互作用を探索、評価する基盤技術の研究開発】

金ナノ粒子センサによる相互作用解析技術を疾病関連タンパク質に適用するにあたり、センサの化学修飾や固定方法、測定プロトコルの最適化などの適用技術が現状課題となっているので、手法の調査・検討を行い、アステラス製薬、ジェノダイブファーマの研究により絞り込まれた疾患関連タンパク質の相互作用検証結果を元にモデルタンパク質を絞り込み適用技術の蓄積を行う。また、卵母細胞関係ではアステラス製薬、ジェノダイブファーマの研究により絞り込まれた疾患関連タンパク質の中で糖尿病に関連するトランスポーター遺伝子を中心に機能解析を行い、基質導入装置についてはその設計と仕様を検討して装置の試作を行う。

(実施体制:株式会社日立製作所)

5.2 平成19年度事業規模

一般会計 2,254百万円

6. その他重要事項

(1)本プロジェクトでは、日本独自に開発された世界最高感度の質量分析技術を活用した大規模なタンパク質ネットワーク解析システムに乗せることにより、創薬ターゲット候補の迅速な絞り込みと疾患治療に役立つ新規化合物の探索・評価のための精度の高い技術開発を更に加速させるために、19年度は、製薬企業を含む国内の天然物を中心とした化合物ライブラリーを集結し、世界最大級の天然化合物ライブラリーを構築する事業を促進する。

【天然化合物ライブラリーの公募】

スケジュール

平成19年1月29日.....公募説明会

平成19年2月20日から平成19年3月6日17:00まで.....社団法人バイオ産業情報化コンソーシアムによる募集

平成19年3月中旬.....参画企業選考

平成19年3月下旬.....NEDOへの申請

平成19年4月下旬.....参画企業の決定

(2)運営・管理

委託先において、プロジェクトリーダー、各研究開発項目に係わるチームリーダー、関連研究分野の有識者等を委員とした研究開発委員会を年2回以上開催する。