

超解像蛍光抗体法による共変動ネットワーク解析法の開発

研究開発代表者： 村田 昌之 国立大学法人東京大学・大学院総合文化研究科 教授

共同研究機関： 国立大学法人東京工業大学

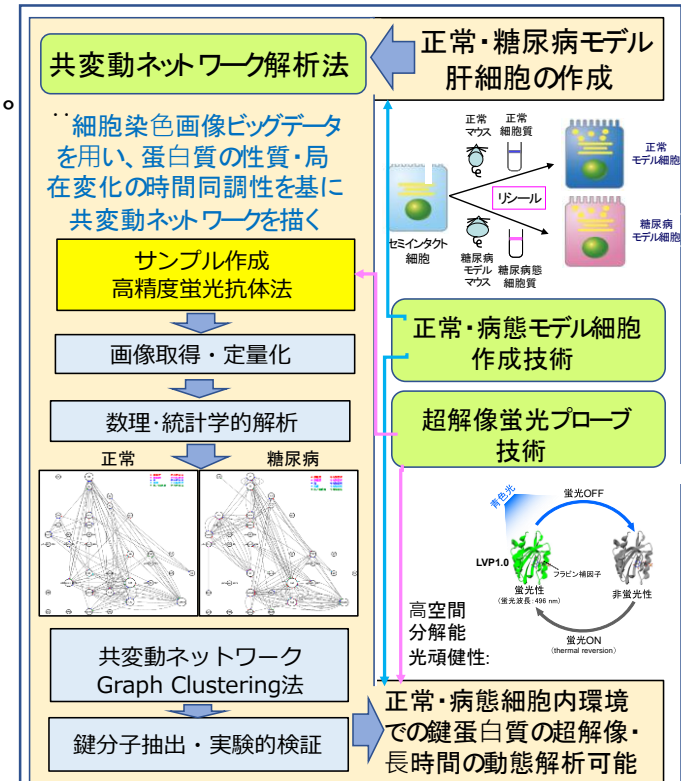


目的：

超解像蛍光抗体法と共変動ネットワーク解析法を利用し、細胞の形態情報を観て、定量化し、そして識ることで、創薬プロセスのスピード化と精緻化を達成し、クスリを「カタチ」にする。

研究概要：

低・中分子・バイオ医薬品の上市には、正常または病態の細胞内環境で実際に働く薬剤標的の同定や、その作用・副作用を細胞内の蛋白質ネットワークの頑健性・撓乱として捉え、その制御の鍵分子(群)の精密な機能同定が必要不可欠になってきている。われわれのグループは、①「超解像蛍光プローブ技術」を利用した高精度蛍光抗体法、②高精度細胞染色画像ビッグデータを用い、蛋白質の性質・挙動変化の時間同調性をもとに作成する共変動蛋白質ネットワーク解析技術、③マルチオミクス解析とのデータ統合による形態情報を特長とする新規ネットワーク解析と数理モデルなどによるネットワークの検証技術、④そこから抽出される鍵蛋白質の正常・病態モデル細胞内での超解像・長時間イメージング技術などの実験的検証、により上記課題を解決し、汎用的で、日本発の技術を統合した世界に類を見ない創薬支援プラットフォームを創成し、創薬・細胞医薬の精緻化とスピード化を目指す。



Realization of common platform technology, facilities, and equipment that creates innovative knowledge and products

Development of covariation network analysis using super-resolution immunofluorescence microscopy

Project Leader : Masayuki Murata
Professor, Graduate School of Arts and Sciences, The University of Tokyo

R&D Team : Tokyo Institute of Technology



Summary :

Launching the novel pharmaceutical products into market requires not only the precise identification of the drug target molecules in the cells under the pathological condition, but also the elucidation of the desired and adverse effects of the drug on the whole intracellular protein network. In this project, our team will sophisticate our three key technologies to resolve these issues: super-resolution immunofluorescence method: super-resolution PLOM-CON analysis (the novel covariation network analysis using the quantified data obtained from the super-resolution immunofluorescence method), disease-model cells where the cytoplasm has been changed to the pathological condition. By coupling these technologies that we originally developed in Japan, we will provide the optimal platform that is unparalleled in the world for refining and improving the speed of drug development.

