

翻訳後修飾プロテオミクス医療研究拠点の形成

実施予定期間:平成20年度～平成29年度

総括責任者:二見 良之(横浜市立大学理事長)

協働機関:(株)メディカル・プロテオスコープ、富士フイルム(株)、ライオン(株)、エーザイ(株)、ファンケル(株)、東ソー(株)、富山化学工業(株)、積水メディカル(株)、(株)セルフリーサイエンス

I. 概要

プロテオミクス、医学、工学研究チームからなる横浜市立大学と協働機関が連携して翻訳後修飾プロテオミクス医療研究拠点創成を目指す。蛋白質の修飾を検出する高感度でハイスループットな技術を開発し、主に修飾異常と疾患との関係を分子レベルで大規模、包括的に解析することにより診断マーカー、創薬ターゲットとなる蛋白質、病気の原因蛋白質を探索する。また、ゲノム解析、in vivo イメージング法等を用いて、探索された蛋白質を評価すると共に診断マーカーの革新的アッセイ法の開発を進める。さらに創薬ターゲットの立体構造を解析し、新薬の開発を目指して薬物設計を実施する。

1. 機関の現状

横浜市立大学は、融合・統合的な医科学研究分野で優れた研究開発と人材育成の実績をもつ。学内では、ナノ、ゲノム、プロテオーム、構造生物学、分子イメージング、臨床医学の研究者が、蛋白質分析技術の開発、疾患の原因となる蛋白質の検出、蛋白質構造解析、薬物設計、診断技術の開発等に関して先端的な研究を進めており、翻訳後修飾プロテオミクス医療研究を大規模に推進できるポテンシャルを持っている。また、そのために必要な設備機器も整備されている。協働機関であるメディカル・プロテオスコープは、肺がん治療薬イレッサの作用機作についてプロテオーム解析手法を用いて研究し、その成果が高く評価された。また、富士フイルムは、高度な有機合成、イメージング等の技術を有し、ライオンは、オーラルケア製品の開発で実績がある。エーザイは、ヘルスケア製品の開発で評価が高く、ファンケルは、機能性食品や化粧品開発で実績がある。東ソーは、機能商品事業の一環としてバイオサイエンス事業を展開し、診断マーカーや創薬標的分子の開発を推進している。積水メディカルは、血液凝固・糖尿病・脂質・リウマチ・感染症の臨床検査薬などの開発で実績を有する。富山化学工業はアルツハイマー型認知症治療剤など神経細胞が障害される疾患の治療剤の開発を目指した研究で成果を挙げている。また、セルフリーサイエンスは、無細胞蛋白質合成系の開発で実績がある。

2. 拠点化の対象とする先端融合領域及び研究開発

蛋白質は、生体内で合成された後、様々な修飾を受ける。修飾に異常が起こると蛋白質の機能に変化が生じ、その変化が種々の疾患の原因になる。しかし、修飾と疾患の関係についてはまだ解明されていないことが多い。そこで、蛋白質のあらゆる修飾の異常と疾患に焦点を当て修飾検出法の開発から修飾異常と疾患の関係の解明、修飾異常疾患診断技術の開発、創薬まで一貫して研究できる翻訳後修飾プロテオミクス医療研究拠点の創成を目指す。そのために、1)修飾異常を効率的に検出する質量分析法(MS)の開発、2)精神疾患、神経変性疾患、がん、生活習慣病、アレルギー性疾患等における修飾異常の検出、3)生体内での機能解明のための二光子顕微鏡を用いた細胞分子イメージング技術の確立、4)細胞分子イメージングによる修飾異常と疾患や生理機能との関係の解明、5)修飾異常蛋白質の高次構造の解明による創薬分子基盤の確立、6)修飾異常蛋白質のアッセイ法の開発、7)PET/CT撮影による対象疾患の診断に有効な標識物質の設計と、モデル動物を用いた体内動態の解析、8)疾患治療のための候補薬物動態試験への応用、等に関する研究を推進する。

3. 拠点化構想の内容

理事長直轄組織として設置した先端医科学研究センター(先端研)を核として、すでに施行されている全教員任期制や教員評価制を踏まえ、職責や業績に応じた人事制度を構築する。さらにプロジェクト研究制、フェローシップ制等の導入により、優れた若手研究者を確保し、多様な人材を活用できる新たな研究推進システムを構築する。また、知財面や研究成果の広報活動、データベース管理等での事務支援体制を確立する。企業より招聘した客員教員による企業側のニーズに即応した大学院教育等により、企業への人材の供給、企業からの人材登用、活用の促進を図る。研究の推進に当たっては、大学及び協働機関のメンバーからなる拠点運営委員会における議決により方針の決定を行う。協働機関は、分析技術、診断薬、治療薬、機能性食品等の開発を分

担すると共に、有機的に連携して効率的に研究を推進できる拠点形成を目指す。本拠点で得られた知見は、新規な治療法、診断技術、診断マーカーの開発、新薬創出の基盤となる。本拠点への医療、製薬関連企業の集結が予測され、国際競争に耐えうる経済・産業基盤が構築される。本拠点は、当該疾患群の診断、治療に関する他の医療研究機関への研究協力、医療情報提供でも大きな役割を果たせる。国内外に修飾プロテオミクス医療研究拠点はなく、修飾異常に係わる基礎研究、医療創薬に対応できる拠点を創成する意義は大きい。

4. 具体的な達成目標

a. 3年目における具体的な目標

質量分析によって修飾蛋白質を $1/10^{15}$ モデルで検出する技術を確立する。この技術を用いて、がん、慢性関節リウマチ、神経変性疾患等に係わる蛋白質を探索し、それらの修飾と疾患の関係を明らかにする。バイオマーカーや創薬の標的候補分子として1疾患につき20～30の修飾異常蛋白質を同定する。また、修飾異常を多重反応モニタリング質量分析(MRM)法によって検査する技術を確立する。修飾による蛋白質の機能変化を解析するため、二光子顕微鏡やPET法を用いたイメージング技術を確立する。

b. 7年目における具体的な目標

高度な分析技術をもった翻訳後修飾プロテオミクス医療研究拠点の完成を目指す。本研究で開発される分析技術を用いて疾患に関連する修飾異常蛋白質を1,000以上同定する。そして、100以上の蛋白質について、生理的機能との関係、遺伝性疾患との係わり、発がん等との関係を明らかにする。また、10以上の修飾異常蛋白質の立体構造をNMRやX線結晶解析によって解明し、薬物設計の基盤を作る。修飾異常のマーカーとなるPET薬剤を見いだす。

c. 10年目(終了時)における具体的な目標

修飾異常を効率的に検出できるMS、臨床検査に利用できるMSについては実用化を目指す。修飾異常の蛋白質の立体構造解析の結果に基づいて薬物設計を試みる。さらに生体内の蛋白質修飾異常部位を臨床的に可視化する診断技術を確立し、修飾の程度と病態との相関、疾病の早期発見、薬物動態試験への応用、開発薬剤の治療効果予測の可能性を明らかにする。

5. 実施期間終了後の取組

本提案における取り組みを通じて、協働機関における研究開発が大きく発展すると共に、新たな協働の芽(同一企業との別のテーマでの協働や他の企業との協働等)が各所に現れると予測される。基礎研究面や応用研究面での学術推進と人材育成という大学・附属病院本来の社会的な役割を果たしつつ、新たな社会的な要請である研究成果の社会還元を果たすべく、大学・附属病院と企業との相互補完的な新たな仕組みを構築する。これらの取り組みを推進することにより、真のイノベーション創出拠点を作ることができる。本拠点で育成された若手研究者を他の研究機関に送り込み、わが国の研究水準を向上させ、修飾異常を原因とする疾患研究分野での国際競争力を強化する。

6. 期待される波及効果

修飾異常による疾患の診断技術、治療法の開発、創薬を目指す世界的な研究センターが設立される。これと並行して、国内における円滑な第一相臨床試験の開始は、現時点において国内で遅々として進まない臨床試験の先駆となると期待される。一方、本拠点への医療、製薬関連企業の集結の開始が予測され、国際競争に耐えうる経済・産業基盤が構築されることが期待される。

7. 実施体制

本学は、平成17年度の独立行政法人化に際して、運営、人事、教育・研究、診療面におけるわが国では最も先鋭的とも言える改革を行った。この改革で、学長と理事長の分離、全教員の任期制・年俸制の導入、教員評価に基づく給与と制度の試行等が行われた。トップダウンの迅速な意志決定を可能にするこのような大学システムを踏まえ、学長の主導の下に、治験推進本部の設置、先端研の設置、FDA等の他機関や企業との包括協定の締結、分子イメージングの大学発ベンチャーの立ち上げ等を積極的に行ってきた。本拠点の推進母体となる先端研は、附属病院と協調して、これまで独立に活動していた臨床各科が共通のルールと様式で臨床検体や臨床情報を共有できるバイオバンクを設置した。バイオバンクでは、カルテの電子化ともあわせて、附属病院の全臨床検体と臨床情報を連結可能匿名化して利用できるシス

テムの確立を目指している。附属病院は370万人の横浜市民の医療を担っている。先端研では、企業との協働体制の下、基礎研究を基盤として医薬品・医療関連機器の開発を進めている。本プロジェクトにおける協働機関との共同研究は、共同研究契約に基づき、平成24年度に建設した新研究棟に設置された産学連携ラボ等において行われている。

8. 各年度の計画と実績

a. 平成20年度

(1) 計画

(a)質量分析装置とその周辺技術の開発：蛋白質修飾異常を効率的に分析するため、修飾蛋白質検出法等の開発、修飾異常病の診断に用いるPETの標識試薬として利用する糖ペプチドの合成法の開発等を行う。

(b)翻訳後修飾蛋白質の検出：アルツハイマー病、がん等の組織、血液、培養細胞等で特異的に発現が変動する修飾蛋白質を検出する。SNPアレーによる解析等を用いて遺伝性疾患責任遺伝子を同定する。

(c)翻訳後修飾蛋白質の機能解析：がんや感染症の動物及び細胞モデルを用い、疾患によって発現量が変動する蛋白質を探索する。

(d)イメージング技術の開発と応用：二光子顕微鏡によるin vivo分子細胞イメージングやPETを用いた生体イメージングの技術開発を行う。

(e)構造・薬物設計：リン酸化、メチル化及びアセチル化された転写因子等の構造を解析する。また、修飾が蛋白質立体構造・相互作用に及ぼす影響に関するデータベースを構築する。

(f)拠点形成とシステム改革

(1)拠点運営体制の確立：拠点運営委員会等を設置する。

(2)拠点設備の整備：先端研内に拠点化研究室及び実験室を整備する。また、先端研新施設建設に向け、設計略図を作成する。

(3)若手研究チームの公募：若手リーダーを公募する。

(4)研究会の開催：プロテオーム医療創薬研究会を開催する。

(2) 実績

(a)質量分析装置とその周辺技術の開発

プロテインチップによる修飾蛋白質検出法、修飾異常病の診断に用いるPET標識試薬となる糖ペプチドの合成法等を開発した。

(b)翻訳後修飾蛋白質の検出

アルツハイマー病、がん等の組織、血液、培養細胞、血管疾患モデル細胞で特異的に発現が変動するリン酸化蛋白質や酸化修飾蛋白質を検出した。また、遺伝性疾患責任遺伝子候補を絞り込んだ。

(c)翻訳後修飾蛋白質の機能解析

がんや感染症の動物モデル及び細胞モデルを用いて、発現量やリン酸化が特異的に変動する蛋白質を明らかにした。

(d)イメージング技術の開発と応用

二光子顕微鏡を用いたin vivo分子細胞イメージングに適した蛍光蛋白質を見いだした。また、PET直接標識法における要素技術としての高分子標識化技術等を検討した。

(e)構造・薬物設計

リン酸化、メチル化及びアセチル化された転写因子等の構造を解析した。また、修飾が蛋白質の構造や相互作用に及ぼす影響に関するデータベースの構築を進めた。

(f)拠点形成とシステム改革

(1)拠点運営体制の確立：拠点運営に係わる拠点運営委員会、拠点リーダー会議、諮問委員会、外部評価委員会を設置した。拠点運営委員会を2回、拠点リーダー会議を毎月、中間発表会、成果発表会、諮問委員会及び外部評価委員会をそれぞれ1回開催した。

(2)拠点設備の整備：先端研内に拠点化研究室及び実験室、協働機関と連携した研究ができる実験室を設置。さらに、先端研新施設建設に向け、設計略図を作成した。

(3)若手研究チームの公募：若手研究チームリーダーを学内で公募し、選考委員会において選考した。

(4)研究会の開催：研究を推進するため、プロテオーム医療創薬研究会を6回開催し、参画研究者の資質の向上を図ると共に、研究成果や情報を一般研究者にも提供した。

b. 平成21年度

(1) 計画

(a)質量分析装置とその周辺技術の開発：新規分離法を採用したMSを用いた修飾基検出法、アミノ酸を利用して蛋白質のイオン化効率を向上させる方法、イオン化効率が高くなるMALDI基板の開発を進める。修飾異常蛋白質を $1/10^{15}$ モルで検出できる技術を開発する。

(b)翻訳後修飾蛋白質の検出：前年度までに検出された疾患関連リン

酸化蛋白質を質量分析により同定する。ホルマリン処理パラフィン固定

した(FFPE)組織切片を用いた疾患関連蛋白質分析技術を確立する。また、ゲノムアレー解析を行い、遺伝性疾患責任遺伝子を同定する。

(c)翻訳後修飾蛋白質の機能解析：前年度までに得られた結果を基に、対象とした動物及び細胞モデルにおいて特異的に発現量やリン酸化パターンが変動する蛋白質を同定する。細胞極性や、幹細胞制御、HIV感染関連蛋白質の修飾の動態を解析する。

(d)イメージング技術の開発と応用：前年度に選定した蛍光蛋白質と解析対象である蛋白質の融合蛋白質を大脳皮質においてin vivo観察する。PET直接標識法の高速度の検討と、微量物質等の標識化技術としての間接標識法を検討する。

(e)構造・薬物設計：転写因子の修飾による機能制御機構の解析、ヒストンのメチル化修飾とそれを認識する蛋白質の構造機能解析、メチル化酵素とヒストンまたは転写因子の複合体の結晶化を進める。一方、蛋白質間相互作用の分子シミュレーション、全原子系線形応答理論による薬剤結合に伴う誘導適合予測法の開発を行う。

(f)拠点形成とシステム改革

(1)拠点設備の整備：先端研建設のための基本設計を作成する。

(2)若手研究者の育成：若手研究チームの研究を支援する。海外からの研究者の受け入れを推進する。

(3)研究会・シンポジウムの開催：プロテオーム医療創薬研究会、及び修飾プロテオミクスに関する公開シンポジウムを開催する。

(2) 実績

(a)質量分析装置とその周辺技術の開発

新規な分離法を用いた質量分析によるリン酸化部位の高感度検出法を開発した。多数のリン酸化蛋白質を質量分析で同定できるようになった。また、FFPE組織の蛋白質を同定する方法を確立した。一方、二光子顕微鏡分析に適した蛋白質を選定した。

(b)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析

再燃前立腺がん等の診断マーカー候補を同定した。再燃前立腺がんにおけるaPKCとIL-6の役割を解明した。乳腺組織幹細胞の増殖異常マウスの血清蛋白質中にマーカー候補を検出した。幹細胞におけるDNA修復やmRNA監視等に関わるシグナル系を制御する新規分子群を発見した。Pin1が標的としたリン酸化蛋白質を解析し、前立腺がんの骨転移を早期に予測できるリン酸化抗体を開発した。また、卵巣がん等によって変動するリン酸化蛋白質を見いだした。社会的隔離ラットにおけるAMPA受容体のリン酸化異常を解明した。一方、Ehlers-Danlos症候群のあるタイプが修飾酵素遺伝子の異常であることを示した。神経疾患患者脳組織においてリン酸化蛋白質CRMP2のマーカー候補として有用性を認めた。

(c)イメージング・診断技術の開発と応用

PET分析のための蛋白質標識技術の開発を行った。また、MRM法によってバイオマーカーを検出する技術の開発を行った。

(d)構造・薬物設計

遺伝子発現制御に関わるエンハンソームのリン酸化による形成と崩壊の機構を解明した。メチル化ヒストンを認識するクロモドメインの構造と機能を解明した。また、神経特異的転写抑制因子に結合する化合物をNMRで探索し、4つの化合物を見いだした。関節リウマチの原因蛋白質PAD4の活性を抑制する抗体を作製した。一方、ポリユビキチン鎖結合様式の違いによる構造変化の分子シミュレーションを進めた。

(e)若手研究プロジェクト

若手研究者の育成を目指し、若手研究者をリーダーとする2件のプロジェクトを推進した。

(f)拠点形成とシステム改革

(1)拠点運営体制の開催：拠点運営に係わる拠点運営委員会を2回、拠点リーダー会議、中間発表会及び諮問委員会を1回開催した。

(2)拠点設備の整備：先端研建設のための基本設計を作成した。

(3)若手研究者の育成：若手研究チームの研究を支援した。海外からの研究者の受け入れを推進した。

(4)研究会・シンポジウムの開催：プロテオーム医療創薬研究会を10回、国際学術フォーラムを1回開催した。

c. 平成22年度

(1) 計画

(a)質量分析装置とその周辺技術の開発：MRM法を用いて $1/10^{15}$ モルの修飾異常ペプチドを選択的かつ定量的に検出できる技術を開発する。新規プロテインチップ技術、イオン化の効率化技術の実用化を図る。

(b)翻訳後修飾蛋白質の検出: アルツハイマー病、前立腺がん等についてリン酸化が変動する 20~30 の蛋白質を同定する。同定された蛋白質がバイオマーカーや創薬ターゲットとして利用できるか検証する。検出された疾患責任遺伝子異常と修飾異常の関係を解析する。

(c)翻訳後修飾蛋白質の機能解析: 疾患モデル細胞等で同定された修飾異常蛋白質と疾患との関連を明らかにするため、生理及び疾患との関わりで鍵となる修飾の機能を修飾酵素 RNAi や、リン酸化の細胞イメージング等の手法を用いて解析する。さらに、ヒト検体を用いて、バイオマーカーや創薬標的としての有用性を評価・検証する。

(d)イメージング技術の開発と応用: 病態により生ずる修飾異常蛋白質を大脳皮質にて *in vivo* 観察する。また、PET 技術については、直接標識法及び間接標識法の高速度化と収率向上に関して検討し、臨床研究としてのヒト投与が可能となるような Working sample を確定する。

(e)構造・薬物設計: ヒストンアセチル化酵素の活性制御機構解析、ヒストンリモデリング因子によるヒストン認識及びヒストンの化学修飾の影響、ヒストンのシトルリン化修飾に対する蛋白質の認識機構、メチル化酵素とヒストンまたは転写因子の複合体の初期的な X線回折実験を行い、薬物設計のための基盤データを収集する。

(f)拠点形成とシステム改革:

(1) 拠点運営体制の開催: 拠点運営に係わる拠点運営委員会、拠点リーダー会議、中間発表会及び諮問委員会を開催する。

(2) 拠点設備の整備: 先端研施設建設のための実施設計を作成する。

(3) 若手研究者の育成: 若手研究チームの研究を支援し、海外若手研究者の受け入れを推進する。

(4) 研究会・シンポジウムの開催: プロテオーム医療創薬研究会、及び翻訳後修飾プロテオミクスに関する国際シンポジウムを開催する。

(2) 実績

(a)質量分析装置とその周辺技術の開発

修飾蛋白質の分析に適したペプチド解離法、アミノ酸を利用したペプチド質量シグナルの検出法の開発に成功した。新規な MALDI 試料ターゲットに用いる撥水濃縮基板を開発した。一方、アフィニティー精製法と MS を利用し、リン酸化蛋白質リン酸化部位を 1 回の分析で 2,000 以上同定できるようにした。さらに、質量分析では難しいリン酸化状態の異なる蛋白質変異体を分別して解析できるアフィニティー電気泳動法を確立した。これらの研究と並行して数百種のヒト蛋白質リン酸化酵素パネルを用いた MRM の技術検討を進めた。FFPE 組織切片から蛋白質をペプチドの混合物として抽出することにも成功した。

(b)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析

疾患関連蛋白質について臨床検体を用いた解析を進め、再燃前立腺がん等の難治性がんのバイオマーカー候補を新規同定した。再燃前立腺がんにおけるリン酸化酵素 aPKC と IL-6 の役割を明らかにした。乳腺組織幹細胞の増殖異常が起きているマウスの血清蛋白質中に特異的マーカー候補を検出した。幹細胞における DNA 修復や mRNA 監視等に関わるシグナル系を制御する新規分子群を発見し、その機構を解明した。単離した微量の幹細胞における修飾異常を解析するための技術を確立した。Pin1 が標的としたリン酸化蛋白質を解析し、前立腺がんの骨転移を早期に予測できるリン酸化抗体の開発に成功した。血管壁細胞や前立腺がん細胞における NADPH オキシダーゼ I の標的蛋白質を発見した。この蛋白質の酸化修飾は、増殖刺激により亢進された。その他、卵巣がん、前立腺がん、肺がん等によってリン酸化が変動する蛋白質を網羅的に解析し、83 の疾患関連リン酸化蛋白質を見いだした。遺伝子アレー解析によって Ehlers-Danlos 症候群責任遺伝子を同定した。この遺伝子は修飾酵素蛋白質をコードしていた。

(c)翻訳後修飾蛋白質の機能解析

社会的隔離ラットにおいては AMPA 受容体シナプス移行阻害が見られる。AMPA 受容体における修飾異常及び責任分子の活性を調べ、シナプス提示に重要な AMPA 受容体のリン酸化の減少、さらに AMPA 受容体をリン酸化する CaMKII の活性の低下を認めた。一方、神経疾患患者脳組織においてリン酸化蛋白質 CRMP2 陽性細胞が多く、マーカー候補として有望であると考えられた。

(d)イメージング技術の開発と応用

Venus-AMPA 受容体の融合蛋白質を作製して大脳皮質に *in vivo* で発現させることによって、二光子顕微鏡で樹状突起が明瞭に観察できるようになった。PET 技術に関しては、5-FU の 18F 標識法と標識用薬剤を調製し、物質レベルでの構造確認と検定を行い、細胞ならびに動物個体レベルでの安全性を確認した。一方、MRM 法によってごく微量のバイオマーカーを検出する技術を開発するため、特定のリン酸化酵素をモデル蛋白質として MRM 分析の条件検討を行い、fmol レベルで特定の蛋白質由来のペプチドを選択的に検出できるようにした。

(e)構造・薬物設計

遺伝子発現制御の中心となるエンハンソームのリン酸化による形成と崩壊の機構を明らかにした。メチル化ヒストンを認識するクロモドメインの構造と機能を解明した。また、神経特異的転写抑制因子に結合する化合物を見いだした。抗体によって関節リウマチの原因蛋白質 PAD4 の活性を 30%まで低下させることに成功した。一方、立体構造データベースにある 61 の蛋白質のリガンド結合状態の結晶構造を線形応答理論によって、再現できる方法を開発した。また、ポリユビキチン鎖結合様式の違いによる構造変化の分子シミュレーションを進めた。

(f)拠点形成とシステム改革

(1) 拠点運営体制の開催: 拠点運営委員会を 2 回、拠点リーダー会議、中間発表会及び諮問委員会をそれぞれ 1 回開催した。

(2) 拠点設備の整備: 先端研新棟の基本設計を行った。

(3) 若手研究者の育成: 若手研究チームの研究推進を支援した。外国人研究者を受け入れた。

(4) 研究会・シンポジウムの開催: 公開シンポジウムを 1 回、プロテオーム医療創薬研究会を 10 回開催し、参画研究者の資質の向上を図ると共に、市民講座を 2 回開催し、研究成果や情報を一般研究者、市民に提供した。

d. 平成 23 年度

(1) 計画

(a)質量分析装置とその周辺技術の開発: 電子捕獲解離法を採用したイオントラップ型質量分析計を用いた修飾基検出法の実用化を図る。脂質修飾検出法の確立を図る。

(b)翻訳後修飾蛋白質の検出: 卵巣明細胞腺がん等の組織、血液、培養細胞におけるリン酸化以外の修飾の異常について解析する。FFPE 組織切片を用いて疾患関連蛋白質を探索する。

(c)翻訳後修飾蛋白質の機能解析: モデル系の構築、モデル系を用いた鍵修飾の探索と同定、同定された鍵修飾の機能解析、ヒト検体を用いた有用性の評価といった、鍵修飾の探索と同定に必要な一連の研究の流れの効率化を行う。

(d)イメージング技術の開発と応用: 病態により生ずる修飾異常蛋白質を大脳皮質にて *in vivo* 観察する。また、PET 技術については、臨床研究としてのヒト投与が可能となるような Working sample の具体的な検討を行う。さらに、ヒト投与のプロトコルの策定を試みる。

(e)構造・薬物設計: 転写因子及びヒストンの化学修飾特異的にリクルートされる転写関連因子の探索、ヒストンの修飾とヌクレオソームの構造との関連の解析、メチル化酵素とヒストンあるいは転写因子との複合体の X線結晶構造解析を行う。また、修飾による蛋白質間相互作用変化のシミュレーション等を用いた予測法を開発する。

(f)拠点形成とシステム改革:

(1) 拠点運営体制の開催: 拠点運営に係わる拠点運営委員会を年 2 回、拠点リーダー会議、中間発表会及び諮問委員会を年 1 回開催する。

(2) 拠点設備の整備: 産学連携ラボを含む先端研を建設する。

(3) 若手研究チーム・女性研究チームの公募: 新たな若手研究チームリーダーと女性研究チームリーダーを学内外から公募する。

(4) 研究会・シンポジウムの開催: プロテオーム医療創薬研究会、及び翻訳後修飾プロテオミクスに関する公開シンポジウムを開催する。

(2) 実績

(a)質量分析装置とその周辺技術の開発

修飾解析に適したペプチド解離法を用いた MS 法を確立した。GPI アンカー修飾ペプチドを網羅的に質量分析する技術の開発に成功した。また、免疫沈降で粗分画した試料中の診断マーカーを MRM により感度よく検出できるようになった。

(b)翻訳後修飾蛋白質の検出

卵巣明細胞腺がんの培養細胞において 20 種類以上の GTP アンカー修飾蛋白質を検出した。NOX1 の活性化に伴い酸化修飾が亢進する蛋白質を見いだし、その特性を明らかにした。消化管間質腫瘍イマチニブ耐性に関わるリン酸化蛋白質を見いだした。FFPE 組織切片を用いて疾患関連蛋白質を検出した。一方、人工がん幹細胞モデル細胞系、修飾責任酵素の迅速同定法を開発した。また、機能性食品成分ラクトフェリン投与後、血液中に特定の蛋白質が発現することを質量分析によって見いだした。皮膚の老化や健康のマーカーを開発するため、モデルマウス表皮試料採取方法を検討した。高密度ゲノムアレーや次世代シーケンサーによって 2 疾患の責任遺伝子を解明した。

(c)翻訳後修飾蛋白質の機能解析

aPKC の発現と、メラノーマの転移、前立腺がんの再燃、乳がん悪性

化などとの関係を解明した。幹細胞の自己複製では、ヒストン修飾因子 Ring1B による Cdkn2a と Cdkn1a 両方の発現抑制が重要であることがわかった。一方、社会的隔離による AMPA 受容体シナプス移行阻害を rescue するリード化合物を見いだした。また、富環境による AMPA 受容体シナプス移行促進がセロトニンによって仲介されていること、この際、AMPA 受容体のリン酸化が変化することなどを発見した。アルツハイマー病及び統合失調症脳病理組織でリン酸化水準が変化する CRMP を血清試料で検出するため、抗体を作製した。さらに CRMP 遺伝子欠損マウスを作出し、CRMP の機能を解析した。全身性エリテマトーデスに関わる IRF の機能を制御する酵素を見いだした。また、慢性骨髄性白血病の原因遺伝子産物 Bcr/Abl リン酸化酵素の発現制御に対する IRF の役割などを明らかにした。一方、HIV 複製を強力に阻害する化合物の同定に成功した。Pin1 結合蛋白質 NF- κ B のサブユニット Rel1A リン酸化部位に対する抗体によって前立腺がんの骨転移を予測できる可能性が大きいことを示した。

(d)イメージング技術の開発と応用

大脳皮質で病態により生ずる修飾異常蛋白質を二光子顕微鏡で観察する研究を進めた。一方、PET 技術の撮像技術については、RGD のラベル体を製造し、ラットに投与して PET 画像を得た。

(e)構造・薬物設計

酸化ストレス応答遺伝子を制御する Nrf2-MafG-DNA 複合体の分子構造を決定した。メチル化ヒストン結合蛋白質 Eaf3 のクロモドメインの構造を解析し、リンメチル化の認識機構などを明らかにした。関節リウマチの原因蛋白質 PAD4 を標的とした抗体治療薬、PAD4 阻害剤の開発研究が進展した。また、神経疼痛や髄芽腫の治療候補化合物の髄芽腫細胞増殖阻害効果などを調べた。IRF などの立体構造の解析を行い、創薬シーズとしての可能性を検討した。また、ユビキチン化による蛋白質間相互作用変化を分子モデリング等によって予測した。

(f)拠点形成とシステム改革

(1)拠点運営体制の開催:拠点運営委員会を2回、研究戦略部会を24回、研究推進会議及び諮問委員会を1回開催した。
(2)拠点設備の整備:産学連携ラボを含む先端研の建設を開始した。
(3)若手研究チーム・女性研究チームの公募:若手研究チームの研究推進を支援、外国人研究者を受け入れた。
(4)公開シンポジウムを1回、プロテオーム医療創薬研究会を17回開催し、参画研究者の資質の向上を図ると共に、市民講座を2回開催し、研究成果や情報を一般研究者、市民に提供した。

e. 平成 24 年度

(1)計画

(a)分析技術の開発:

(1)質量分析:修飾蛋白質の分析のさらなる効率化に役立つ試料調製法、アフィニティー精製法、MS 等の開発を推進する。また、開発された技術を体系化し、研究拠点の基盤を構築する。

(2)構造解析・薬物設計:蛋白質の修飾異常が疾患の原因となっている関連蛋白質構造解析結果に基づいて創薬候補化合物の合成と設計を試みる。また、修飾異常蛋白質の構造変化を予測する方法の開発を行う。また、予測法の実験結果へ適用し、精度を検証する。

(b)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(がん等):種々のがんの組織、血液等で特異的に発現が変動する蛋白質修飾を検出・同定し、その機能を解析するシステムを構築する。バイオマーカーや創薬標的候補分子を探索できる研究拠点を構築する。がんに関連する修飾異常を標的とした創薬の基盤的研究を行う。また、修飾異常蛋白質を利用した PET 診断技術の開発を進める。

(c)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(精神神経疾患等):社会的隔離による AMPA 受容体シナプス移行阻害を解除する化合物の有効性を検証する。抗体を用いた CRMP 高感度検出系の確立等も試みる。修飾異常蛋白質の挙動を海馬等の脳深部において観察するための二光子顕微鏡技術の開発を行う。

(d)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(免疫疾患等):全身性エリテマトーデスや慢性骨髄性白血病のリン酸化蛋白質の解析を進める。IRF が関わる疾患における IRF の役割を明らかにする。一方、抗 HIV-1/AIDS 薬や前立腺がん骨転移診断薬等の開発、人工がん幹細胞モデルを活用したがん幹細胞特異的修飾異常の解析を行う。

(e)機能性食品・化粧品:ラクトフェリンによって生体中のリン酸化蛋白質に生じる変化を MS 解析する。マウス疾患モデルを用いて細胞外基質蛋白質を中心とした修飾蛋白質の解析を行う。

(f)拠点形成とシステム改革

(1)拠点運営体制の開催:拠点運営に係わる拠点運営委員会を年2回、

拠点リーダー会議、中間発表会及び諮問委員会を年1回開催する。

(2)拠点設備の整備:本プロジェクトの拠点として建設される先端施設に本プロジェクト関連の設備・機器を集め、効率的な翻訳後修飾プロテオミクス医療研究を産学連携して推進できる拠点を構築する。

(3)若手研究者の育成:若手研究チームの研究を支援する。海外若手研究者の受け入れを推進する。

(4)研究会・シンポジウムの開催:公開シンポジウム、プロテオーム医療創薬研究会、市民講座等を開催する。また、建設された先端施設を利用して修飾異常と疾患の関係を解析する手法を産学の研究者が習得できる実習会を開催する。平成25年9月に横浜で開催するヒプロテオーム機構(HUPO)国際会議の運営で中心的な役割を担う。

(2)実績

(a)基盤技術の開発

HPLC、オフゲル分画装置などを用いた血漿蛋白質試料の前処理方法を改良した。GPI アンカー結合ペプチドの質量分析法や、血中バイオマーカー候補蛋白質を検出する MRM 法を確立した。また、MS の MLDI-ISD/CID 法に利用可能な新規マトリックスを発見した。酸化ストレス応答遺伝子を制御する蛋白質 DNA 複合体の活性制御因子を探索し、活性制御に関わる構造ドメインを明らかにした。ヒストン脱アセチル化酵素を神経特異的にリクルートする Sin3 と NRSF の結合を阻害する化合物の中に繊維筋痛症に対する治療効果のあるものを見いだした。メチル化ヒストン結合蛋白質 Eaf3 の構造を解析し、Eaf3 の関わる遺伝子発現制御機構を解明した。また、HP1 のリン酸化による構造変化を明らかにした。新規の抗 PAD4 抗体を作製したが、いずれの抗体にも関節リウマチ発症抑制効果はなかった。一方、構造シミュレーションによるユビキチンの結合様式と機能の解析が進んだ。

(b)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(がん等)

乳前駆細胞では aPKC のキナーゼ活性が転写因子 TFX を介した増殖因子受容体 ErbB2 の転写抑制能に必要であること、aPKC 異常高発現を伴う胃がんではがん幹細胞の増殖異常が起きていることを見いだした。子宮頸がんの進行過程で aPKC の異常高発現と核への細胞内局在変化があることもわかった。また、Nephrin のエキソサイトシスが、糸球体の機能維持に重要であり、極性蛋白質群がこの過程に関わることを解明した。mRNA 監視系の抑制を可視化する細胞株を構築し、阻害剤のスクリーニング系として利用できることを示した。ヒストン修飾を介して組織幹細胞の自己複製に関わるポリコム群蛋白質 Ring1B の下流遺伝子のうち、プロモーター領域において転写活性化型と転写抑制型のヒストン修飾が共局在している遺伝子の抽出を行い、18 の転写因子遺伝子を含む 107 遺伝子を抽出した。消化管間質腫瘍におけるイマチニブ抵抗性に関わるリン酸化蛋白質の役割を解明した。MRM を使って検出したアンドロゲン非依存性細胞に特有なリン酸化蛋白質 VCY1B の発現を検証した。一方、NOX1-PDI 系が血管平滑筋細胞の増殖と肥大における役割を明らかにした。また、卵巣明細胞腺がん培養細胞から分泌される診断マーカー候補蛋白質の ELISA 測定系を確立した。PET 薬剤を自動合成できる装置を完成させた。

(c)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(精神神経疾患等)

前年度同定した社会的隔離による AMPA 受容体シナプス移行阻害を rescue するリード化合物よりも 10 倍力価が高い化合物を発見した。また、運動野の一部を破壊した動物の運動機能回復過程で AMPA 受容体のシナプス移行への関与を明らかにした。精神神経疾患の原因となる CRMP を血液検体で検出できることがわかった。Filamin-A と CRMP の相互作用部位を解明し、その部位が CRMP1C 末端のリン酸化修飾による調節を受けることを示した。複数のがん組織標本において CRMP 発現レベル、リン酸化修飾を解析した。また、ヒトにおいても AMPA 受容体シナプス移行が経験依存的に起こることを示す目的で AMPA 受容体標識 PET プローブを作製した。

(d)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(免疫疾患等)

全身性エリテマトーデスに関わる転写因子群のリン酸化酵素を同定し、慢性骨髄性白血病因リン酸化酵素による転写因子 IRF 発現抑制の病的意義を解明した。一方、無細胞蛋白質合成系を用いて、HIV 蛋白質と標的となる宿主蛋白質間の相互作用を阻害する低分子化合物を複数同定した。iPS 細胞を用いて人工がん幹細胞モデルを創出し、がん幹細胞特異的なリン酸化シグナルを明らかにした。

(e)機能性食品・化粧品

ラット脂肪細胞中のラクトフェリン結合蛋白質を 170 以上検出・同定した。脂質代謝と密接に関わる解糖系の蛋白質が多数同定された。一方、細胞極性因子 aPKC の表皮基底細胞での遺伝子破壊マウスが、毛幹細胞の再生異常を引き起こすことを見いだした。

(f)拠点形成とシステム改革

- (1.拠点運営体制の開催:拠点運営に係わる拠点運営委員会を年2回、拠点研究戦略部会、諮問委員会等をそれぞれ年1回開催した。
- (2.拠点設備の整備:拠点の中心となる先端研新研究棟を建設した。
- (3.若手研究チームの支援:若手研究チームの研究、医理連携研究の推進について支援を行った。
- (4.研究会・シンポジウムの開催:公開シンポジウムを年1回、プロテオーム医療創薬研究会を年9回開催し、参画研究者の資質の向上を図ると共に、市民講座を年3回開催し、研究成果や情報を一般研究者、市民に提供した。バイオインフォマティクス研究会を年1回開催した。

f. 平成25年度

(1) 計画

(a) 基盤技術の開発:

(1. MS等:5年目までで拠点の大半の基盤技術の整備が完了したが、今後も多数の血液蛋白質の検出・同定技術の改良に取り組む。MALDI-MSD/CIDによる修飾蛋白質解析法などを確立する。ヒトにおいてもAMPA受容体シナプス移行が経験依存的に起こることを証明するため、AMPA受容体をプローブとしたPET分析技術の開発を進める。

(2. 構造解析・薬物設計:修飾による機能制御機構を分子構造レベルで解明し、制御機構の破綻を原因とする疾患に対する創薬のための情報基盤の確立を目指す。trαエンハンソームのEts1、Runx1-CBF、LEF1とAlyを含む複合体の構造解析を進め、修飾とエンハンソームの機能制御機構を解析する。ヒストン脱アセチル化酵素を神経関連遺伝子に特異的にリクルートするSin3とNRSFの結合を阻害する、髄芽腫や神経疼痛や繊維筋痛症の治療候補化合物を評価する。メチル化ヒストン結合蛋白質Chp1などの構造解析を行い、創薬の基盤を構築する。また、関節リウマチ発症抑制効果に関する新規抗PAD4抗体の評価、脳脊髄の神経再生を阻む作用を抑制するLOTUS及びNogo受容体の大量発現系の構築、神経軸索再生に関わるCRMP1とFilamin-Aとの相互作用解析などを進める。蛋白質の修飾の結果として表れる立体構造と分子間相互作用の変化について、分子シミュレーション等により明らかにする。構造の予測を可能とする研究も行う。

(b) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(がん等):細胞極性やmRNA監視系のオリジナルな分子群に着目し、それらの組織幹前駆細胞とがん幹細胞における修飾異常と機能異常の相関の解析を進め、バイオマーカーや創薬標的としての可能性を探る。様々ながんの臨床検体を用いた検証と探索を進め、得られた成果の臨床的な意義を検証する。ヒト膵がん幹細胞の培養系を確立し、複数の膵がん患者から抗がん剤に治療抵抗性を示す膵がん幹細胞株ライブラリを構築した上で、膵がん幹細胞で発現レベルが高いトランスポーターの機能を解析する。また、膵がん幹細胞の形質変化を明らかにすると共に、膵がん幹細胞で活性化しているシグナル経路の特定を試みる。さらに、原因未解明のヒト発生・発達異常を呈する疾患群を対象にその遺伝的原因を探る・同定する。修飾酵素遺伝子には特に注目する。

(c) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(精神神経疾患等):社会的隔離の系を用いてリード化合物Aの物質特許から構造上外れる類縁化合物のスクリーニングを行う。本化合物のリハビリテーション促進薬としての可能性を調べる。また、リード化合物の標的分子を探索する。統合失調症及びアルツハイマー病患者血清標品のCRMP蛋白質と、個々の患者の薬物応答性等の臨床情報との関係を解析する。

(d) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(免疫疾患等):全身性エリテマトーデスの治療薬開発のため、IRF5の修飾酵素の解析を行う。慢性骨髄性白血病の治療法開発のため、病因リン酸化酵素Bcr/AblとIRF8の拮抗作用についてさらに解析する。一方、修飾を基盤とした抗HIV薬の開発、B型肝炎ウイルス複製阻害剤の開発、疾患関連蛋白質の翻訳後修飾を司る責任酵素の迅速同定法の開発、蛋白質の機能的リン酸化修飾を効率的に検出するPin1プロテオミクス技術を活用した前立腺がんにおける修飾異常と病態の解析、がん幹細胞モデルを活用した修飾異常の解析、がん幹細胞を標的とするモノクローナル抗体の作製と応用に関する研究などを実施する。

(e) 機能的食品・化粧品:前年度同定されたラクトフェリン結合蛋白質の解析により、ラクトフェリンの生体内での機能を明らかにする。また、細胞外基質蛋白質を中心とした蛋白質の修飾の解析法の検討を通じて、健康状態の指標となる蛋白質分子及び修飾の絞り込みを行う。

(f) 拠点形成とシステム改革:

- (1.拠点運営体制の開催:拠点運営に係わる拠点運営委員会、拠点研究戦略部会、諮問委員会等を開催する。
- (2.拠点設備の整備:先端研新棟内にバイオインフォマティクス解析室を開設する。オミックス解析の共用サーバを導入・整備する。

(3.若手研究チームの支援:若手研究チームの研究、医理連携研究の推進を支援する。

(4.研究会・シンポジウムの開催:公開シンポジウム、プロテオーム医療創薬研究会、市民講座を開催する。先端研施設を利用して修飾異常と疾患の関係を解析する手法を産学の研究者が習得できる実習会を開催する。HUPO国際会議の運営で中心的な役割を担う。

(2) 実績

(a) 基盤技術の開発

(1. MS等:負イオンのMALDI-MSD/CID法に適した試料調製法の開発、AMPA受容体シナプス移行に関するPETイメージングを可能にするPETプローブ候補分子の探索などを行った。

(2. 構造解析・薬物設計:trαエンハンソームのEts1、Runx1-CBF、LEF1とAlyを含む複合体の結晶化に必要なLEF1とAlyの相互作用領域を明らかにした。また、転写因子Ets1のリン酸化によるDNA結合抑制機構を速度論的に解明した。ヒストン脱アセチル化酵素を神経関連遺伝子に特異的にリクルートするSin3の結合を阻害する化合物の髄芽腫や神経疼痛や繊維筋痛症に対する治療効果を明らかにした。メチル化ヒストン結合蛋白質Chp1などの構造を決定した。また、新規抗PAD4抗体の関節リウマチ発症抑制効果を認めた。脳脊髄の神経再生を阻む作用を抑制するLOTUS及びNogo受容体の大量発現株を作製した。神経軸索再生に関わるCRMP1とFilamin-Aの相互作用機構解明の糸口が見えた。蛋白質のリン酸化やユビキチン化による立体構造や分子間相互作用の変化について分子シミュレーションを行った。

(b) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(がん等)

細胞極性やmRNA監視系の分子群の組織幹前駆細胞とがん幹細胞における修飾異常と機能異常の相関を明らかにした。腎がん、膀胱がん、前立腺がん、肺がんなどに伴って発現が変動する蛋白質を網羅的に解析し、それらの診断マーカーとしての有用性を検証した。ヒト膵がん幹細胞の培養系を確立し、複数の膵がん患者から抗がん剤に治療抵抗性を示す膵がん幹細胞株ライブラリを構築した。そして、膵がん幹細胞で発現レベルが高い5種類のトランスポーターを発見した。また、膵がん幹細胞の形質変化のプロセスを解析し、形質出現から転移能獲得までの幹細胞の特性の変化を明らかにした。さらに、原因未解明のヒト発生・発達異常を呈する疾患群を対象にその遺伝的原因を探る・同定した。翻訳後修飾に関連する酵素遺伝子の変異も発見した。

(c) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(精神神経疾患等)

社会的隔離の系を用いてリード化合物Aの物質特許から構造上外れる類縁化合物のスクリーニングを行い、本化合物がリハビリテーション促進薬として利用できることを示唆した。リード化合物の標的分子も探索した。また、統合失調症及びアルツハイマー病患者血清標品のCRMPと臨床情報との関係が明らかになってきた。この中で、アミロイドβの毒性効果がCRMP2のリン酸化を介して現れることわかった。

(d) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(免疫疾患等)

転写因子IRF5結合性酵素LynによるIRF5活性抑制効果を見いだした。IRF5は全身性エリテマトーデスの治療薬になる可能性がある。また、IRF8が慢性骨髄性白血病の創薬標的として適していること、リン酸化酵素Bcr/AblによるIRF8の発現抑制機構が明らかになった。さらに、IRF8による単球分化誘導機構などが解明された。一方、前立腺がんにて特徴的な発現を示すPin1結合蛋白質を検出した。HIV感染症に関しては、HIV-宿主蛋白質相互作用を阻止する新規宿主因子、Vif-APOBEC3G相互作用を阻害する化合物を見いだした。また、HIV-1 Gagをリン酸化する宿主リン酸化酵素を同定した。B型肝炎に関して、B型肝炎ウイルス蛋白質と宿主蛋白質を活用して新たな薬効をもつ化合物を検出するアッセイ系を構築し、これを用いてウイルスの侵入を阻害する化合物を同定した。さらに、人工がん幹細胞モデル系を作製し、腫瘍原性と未分化性を阻害する化合物の同定に成功した。

(e) 機能的食品・化粧品

ラクトフェリン摂取後に脂肪分解に関与する蛋白質の発現が大きく変動することが確認された。一方、aPKCの欠損により、体毛、触毛の発達異常が生ずることが示唆され、これが全身の健康状態を反映する表皮バイオマーカーになる可能性があると考えられた。また、コラーゲン機能の解析で、ラットが摂取したコラーゲン由来ペプチドが短時間で皮膚に移行することが明らかになった。

(f) 拠点形成とシステム改革

(1.拠点運営に係る拠点運営会議を年2回、研究戦略部会を月2回、ほかに諮問委員会等を開催した。

(2.平成24年に竣工した先端研新研究棟の設備機器を整備した。バイオインフォマティクス解析室を開設し、共用サーバを設置した。

(3.若手研究チームの研究、医理連携研究の推進を支援した。
(4.第12回ヒトプロテオーム機構国際会議運営で中心的な役割を担った。また、プロテオーム医療創薬研究会を7回、バイオインフォマティクス研究会を8回開催し、参画研究者の資質の向上を図ると共に、市民講座を6回開催し、研究成果や情報を一般研究者、市民に提供した。

g. 平成26年度

(1) 計画

(a) 基盤技術の開発

(1. MS等:MRMによって診断マーカーを検出する方法を改良し、実用的な技術に近づける。また、負イオンMALDI-MSD/CIDに適したペプチド切断試薬をスクリーニングする。MALDI-MSDを基盤とした蛋白質分子イメージングの可能性を検討する。さらにAMPA受容体をプローブとしたPETイメージング技術の開発を進める。

(2. 構造解析・薬物設計: 翻訳後修飾による機能制御機構を分子構造レベルで解明し、制御機構の破綻を原因とする疾患に対する創薬のための情報基盤の確立を目指す。本年度は、 $\text{tcr}\alpha$ エンハンソーム複合体のDNA結合に関わるドメインの結晶化を行う。酸化ストレス応答遺伝子の発現を制御するNrf2を含む複合体の構造を解析する。また、Nrf2の活性を制御する化合物を探索する。関節リウマチ発症抑制効果に関する新規抗PAD4抗体の評価、脳脊髄の神経再生を阻む作用を抑制するLOTUS及びNogo受容体の大量発現系の改良、神経軸索再生に関わるCRMP1とFilamin-Aの複合体の調製と結晶化を進める。リン酸化やユビキチン化による蛋白質の立体構造や分子間相互作用の変化について、分子シミュレーションを行う。

(b) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(がん等): aPKCを中心とした細胞極性の分子群を起点とした組織幹前駆細胞とがん幹細胞における翻訳後修飾と機能異常の相関を明らかにし、バイオマーカーや創薬標的候補を検出する。また、その臨床的意義を検証する。様々ながんと関連する蛋白質機能を検出・同定し、それらの臨床的役割を検証する。治療抵抗性をもつ膵がんの幹細胞で発現するトランスポーターの機能を解析する。また、抗がん剤投与後に残存する膵がん幹細胞のリン酸化蛋白質を解析し、シグナル伝達経路の異常を検出する。一方、転移能をもつ膵がん幹細胞と似た細胞の差異を遺伝子レベルで調べる。さらに、原因未解明のヒト発生・発達異常を呈する疾患群を対象にその遺伝的原因を探索・同定を進める。この際、翻訳後修飾に関連する酵素遺伝子には特に注目する。前立腺がんの骨転移を予測する診断薬の開発を目指してPin1プロテオミクス技術を活用し、前立腺がんにおける翻訳後修飾異常蛋白質と責任酵素の同定を行う。

(c) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(精神神経疾患等)

社会的隔離の系を用いてリード化合物Aの物質特許から構造上外れる類縁化合物のスクリーニングを行って得られた化合物のリハビリテーション促進薬としての可能性を追究する。また、リード化合物の標的分子の探索を進める。統合失調症及びアルツハイマー病患者血清標品のCRMP蛋白質と、患者の臨床症状、薬物応答性などの臨床情報との関係などを明らかにする。

(d) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(免疫疾患等): 全身性エリテマトーデスの治療薬開発のため、IRF5の活性を制御する化合物のスクリーニングを行う。また、慢性骨髄性白血病の治療薬開発のため、病因リン酸化酵素Bcr/AblとIRF8の拮抗作用について解析する。一方、翻訳後修飾を基盤とした抗HIV薬の開発、人工がん幹細胞モデルを活用したがん治療薬の開発、がん幹細胞を標的とするモノクローナル抗体の作製と応用に関する研究などを実施する。また、B型肝炎に関しては、ウイルスの逆転写酵素阻害剤やウイルスの侵入阻害剤などの探索を進める。

(e) 機能性食品: 一昨年度同定されたラクトフェリン結合蛋白質候補の中から、偽陽性蛋白質を排除し、真にラクトフェリンと結合する蛋白質を見だし、ラクトフェリンの生体内での機能を明らかにする。また、皮膚の健康状態の指標として着目すべき蛋白質分子及び翻訳後修飾の検証、コラーゲン分解成分の機能評価を行う。

(f) 拠点形成とシステム改革

(1. 拠点運営に係わる拠点運営委員会、拠点研究戦略部会、諮問委員会等を開催する。

(2. 拠点の整備 拠点の中心施設としての先端研の施設の整備、産学連携ラボの整備を進める。

(3. 若手研究チームの支援 若手研究チームの研究、医理連携研究の推進を支援する。

(4. 研究会・シンポジウムの開催 公開シンポジウム、プロテオーム医療創薬研究会、バイオインフォマティクス研究会を開催し、参画研究者の

資質の向上を図ると共に、市民講座を開催し、研究成果や情報を一般研究者、市民に提供する。

(2) 実績

(a) 基盤技術の開発

(1. MS等:MRMによって診断マーカーが高感度で検出できるようになった。また、負イオンMALDI-MSD/CIDに適したペプチド切断試薬が見いだされた。MALDI-MSDを基盤とした分子イメージング法の開発が進化した。さらにAMPA受容体の細胞表面移行を特定するPETプローブを見いだした。

(2. 構造解析・薬物設計: 翻訳後修飾による機能制御機構を分子構造レベルで解明し、制御機構の破綻を原因とする疾患に対する創薬のための情報基盤の確立を目指した。 $\text{tcr}\alpha$ エンハンソーム複合体のDNA結合に関わるドメインの結晶構造解析を開始した。また、酸化ストレス応答遺伝子の発現を制御するNrf2を含む複合体の構造などを解析した。この際、Nrf2の活性を制御する化合物を発見した。新規抗PAD4抗体に関節リウマチ発症抑制効果を認めた。脳脊髄の神経再生を阻む作用を抑制するLOTUS及びNogo受容体の構造解析を行うため、大量発現系を改良した。また、神経軸索再生に関わるCRMP1とFilamin-Aの複合体の調製と結晶化を行い構造解析を始めた。一方、翻訳後修飾による立体構造や分子間相互作用の変化について分子シミュレーションを行った。

(b) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(がん)

aPKCを中心とした細胞極性の分子群を起点とした組織幹前駆細胞とがん幹細胞における翻訳後修飾と機能異常の相関を明らかにした。肺腺がん、前立腺がん、乳がん浸潤・増殖などと関連する蛋白質を50種類以上検出・同定し、それらの臨床的役割を調べた。治療抵抗性をもつ膵がんの幹細胞で発現するトランスポーターを同定し、膵がん臨床検体においてその発現を検討した。また、抗がん剤投与後に残存する膵がん幹細胞のリン酸化蛋白質を解析し、シグナル伝達経路の異常を検出した。一方、転移能をもつ膵がん幹細胞特異的発現を示す分子の臨床的意義を解明するために必要となる膵がん類似組織、すなわち、血管及び間質を有したヒト膵がん組織の人為的再構成に取り組んだ。一方、原因未解明のヒト発生・発達異常を呈する疾患群を対象にその責任遺伝子を同定した。前立腺がんの骨転移を予測する診断薬の開発を目指して前立腺がんにおける修飾異常蛋白質と責任酵素の同定を行った。

(c) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(精神神経疾患等)

社会的隔離の系を用いてリード化合物Aの物質特許から構造上外れる類縁化合物のスクリーニングを行って得られた化合物は、脳損傷によって失われた運動機能の回復を促進することが明らかになった。また、統合失調症、乳がんとCRMP蛋白質との関係などがより明確になった。

(d) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(免疫疾患等)

全身性エリテマトーデスの治療薬開発のため、転写因子IRF5の活性を制御する化合物のスクリーニングを行い、約4万種類の化合物から588化合物を選抜した。また、慢性骨髄性白血病の治療薬開発のため、病因リン酸化酵素Bcr/Ablと転写因子IRF8の拮抗作用に関する解析が進んだ。一方、翻訳後修飾を基盤とした抗HIV薬の開発、人工がん幹細胞モデルを活用したがん治療薬の開発、がん幹細胞を標的とするモノクローナル抗体の作製と応用に関する研究を行った。この中でがん幹細胞の特性を特異的に阻害する化合物を同定した。本化合物はがん幹細胞の細胞老化を誘導することで、がん幹細胞の未分化性や腫瘍原性を阻害する。また、本モデル細胞を活用し、がん幹細胞を特異的に検出できる可能性があるモノクローナル抗体を2種類開発した。また、B型肝炎に関しては、ウイルスの逆転写酵素阻害剤やウイルスの侵入阻害剤を探索し、B型肝炎ウイルスの感染を阻害するモノクローナル抗体の作製に成功した。本抗体はHBs抗原のPre-S1領域に結合し、ウイルスが宿主受容体NTCPに結合することを阻害することが判明した。

(e) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(機能性食品)

内臓脂肪を低減する効果のあるラクトフェリンが脂質代謝関連蛋白質と相互作用することがわかった。また、コラーゲン由来のトリペプチドの生体中での機能が明らかになった。

(f) 拠点形成とシステム改革

(1. 運営に係わる研究戦略部会を月2回、拠点運営会議を年2回、ほかに諮問委員会等を開催した。

(2. 拠点の整備 拠点の中心施設である先端研研究棟の増築工事に着手した。同センターの専任教員3名(プロテオミクス、バイオインフォマティクス、トランスレーショナル研究の専門家)を採用した。

- (3.若手研究チームの支援 若手研究チームの研究を支援した。
(4.研究会・シンポジウムの開催 公開シンポジウム、プロテオーム医療創薬研究会を9回、バイオインフォマティクス研究会を15回開催し、参画研究者の資質の向上を図ると共に、市民講座を開催し、研究成果や情報を一般研究者、市民に提供した。

h.平成27年度

(1) 計画

(a)基盤技術の開発:

(1.MS等:蛋白質の翻訳後修飾データを収納した独自のデータベースModProtの構築を進める。GPIアンカー結合蛋白質を検出し、疾患との関係を調べる。また、負イオンMALDI-MSD/CID法を用いた新しいリン酸化蛋白質検出法を開発する。MALDI-MSD法を基盤とした分子イメージング法の開発も進める。一方、AMPA受容体の細胞表面移行を特定するPETプローブを使ってAMPA受容体の動態を解析する。

(2.構造解析・薬物設計:trc α エンハンソーム複合体成分の活性を阻害する化合物をスクリーニングする。また、酸化ストレス応答遺伝子の発現を制御するNrf2を含む複合体の構造などを解析すると共に、Nrf2の活性を制御する化合物の標的分子を同定する。新規抗PAD4抗体の関節リウマチ治療薬としての有用性を検証する。脳脊髄の神経再生を阻む作用を抑制するLOTUS及びNogo受容体などのX線結晶構造解析を行う。また、翻訳後修飾による立体構造や分子間相互作用の変化について分子シミュレーションにより解析を行う。

(b)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(がん等):子宮頸がんの前がん病変C1N1の病状進行予測マーカーとしてのaPKCの有用性などを解析する。肺腺がん、前立腺がん、乳がん、腎がんなどと関連する蛋白質を検出・同定し、それらの臨床的な役割を検証する。治療抵抗性をもつ膵がんの幹細胞で発現するトランスポーターの機能を解析する。また、膵がん幹細胞特異的な分子に対する翻訳後修飾を明らかにする。さらに、発生・発達異常の遺伝的要因を探索し、診断法を開発する。

(c)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(精神神経疾患等):社会的隔離の系を用いてリード化合物Aの物質特許から構造上外れる類縁化合物のスクリーニングを行って得られた化合物は、脳損傷によって失われた運動機能の回復を促進することが明らかになった。この化合物の生理学的解析を行う。また、カニクイザルを用いてこの化合物の効果を検証する。一方、統合失調症、アルツハイマー病、乳がんとCRMP蛋白質との関係などを詳細に解析する。

(d)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(免疫疾患等):全身性エリテマトーデスの治療薬開発のため、IRF5の活性を制御する化合物のスクリーニングを行うと共に、IRF5活性化リン酸化酵素を同定する。また、慢性骨髄性白血病の治療薬開発のため、病因リン酸化酵素Bcr/AblとIRF8の発現抑制機構について解析する。さらに、IRF発現回復化合物のスクリーニング系を構築する。一方、翻訳後修飾を基盤とした抗HIV薬の開発、人工がん幹細胞モデルを活用したがん治療薬の開発、がん幹細胞を標的とするモノクローナル抗体の作製と応用に関する研究を継続する。また、B型肝炎に関しては、ウイルスの逆転写酵素阻害剤やウイルスの侵入阻害剤などを探索する。

(e)翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(機能性食品):内臓脂肪を低減する効果のあるラクトフェリン生体内での機能を明白なものにする。また、コラーゲン由来のトリペプチドの生体中での機能を詳細に検証する。

(f)拠点形成とシステム改革:

(1.拠点運営に係わる研究戦略部会、拠点運営会議、諮問委員会等を開催する。

(2.拠点の整備拠点の中心施設である先端研研究棟増築を完成させる。バイオインフォマティクス研究室、トランスレーショナル研究室、バイオバンク室を整備する。

(3.若手研究チームの支援若手研究チームの研究の支援を継続する。

(4.研究会・シンポジウムの開催公開シンポジウム、プロテオーム医療創薬研究会、バイオインフォマティクス研究会を開催し、参画研究者の資質の向上を図る。また、市民講座を開催し、研究成果や情報を一般研究者、市民に提供する。

(2) 実績

(a) 基盤技術の開発:

(1. MS等:蛋白質の翻訳後修飾データを収納した独自のデータベースModProtの構築を進めた。ModProtを利用して翻訳後修飾部位をマップとして視覚的に捉えることができるが、これに新たに情報機能の追加や検索機能を付与した。GPI-AP同定方法を開発し、多数の

GPI-APとGPI修飾部位を同定した。また、負イオンMALDI-MSD法を用いた新しいリン酸化蛋白質検出法を確立した。さらに、CID法と組み合わせてリン酸化部位の数を効率的に決定できるようになった。MALDI-MSD法を基盤とした分子イメージング法に用いる新規マトリックスを発見した。一方、AMPA受容体の脳内分布を特定するPETプローブを探索し、AMPA受容体に結合するPETプローブを見いだした。

(2. 構造解析・薬物設計:trc α エンハンソーム複合体構成成分に対して活性を阻害する化合物をスクリーニングし、強い阻害活性を有する化合物を発見した。また、酸化ストレス応答遺伝子の発現を制御するNrf2を含む複合体の構造を基に、Nrf2の活性を制御するとみられる低分子化合物を同定した。これまでに得たニワトリ/マウスキメラ抗PAD4抗体をヒト化し、関節リウマチ治療薬としての有用性を検証した。脳脊髄の神経再生を阻む作用を抑制するLOTUS及びNogo受容体などのX線結晶構造解析の準備が進展した。また、ユビキチン化やリン酸化などの翻訳後修飾による立体構造や分子間相互作用の変化について分子シミュレーション解析を行った。

(b) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(がん等):子宮頸がんの前がん病変C1N1の病状進行予測マーカーとしてのaPKCの有用性を検証した。乳腺組織幹細胞、神経幹前駆細胞におけるaPKCの役割などが明らかになった。肺腺がん、前立腺がん、乳がん、卵巣明細胞がん、川崎病などで発現が変動する蛋白質を同定し、それらの臨床的な役割を検証した。卵巣明細胞がん関連蛋白質を診断マーカーとして実用化するため、診断薬の臨床性能試験の準備を開始した。膵がんの予後予測におけるヒト膵がん幹細胞で特異的に発現するトランスポーターの有用性を明らかにした。また、膵がん幹細胞特異的な分子に対する翻訳後修飾の解析を始めた。さらに、限局性皮膚異形成のような発生・発達異常の遺伝的要因を追及し、責任遺伝子を明らかにした。

(c) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(精神神経疾患等):富山化学工業と共同開発中であるリハビリテーション効果促進薬については、カニクイザルの内包損傷モデルにおいて薬剤投与の結果が揃い、統計学的な有意差が検出され、明らかな回復効果が霊長類において証明された。一方、CRMPファミリーのひとつCRMP4が脊髄損傷時にリン酸化を介して軸索突起の伸長を抑制し、損傷後の回復を遅らせることが明らかになった。

(d) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(免疫疾患等):全身性エリテマトーデスの治療薬開発のため、IRF5の活性を制御する化合物のスクリーニングを進めた。同時に、ヒット化合物の作用機序を明らかにするための実験系を構築した。また、慢性骨髄性白血病の治療薬開発のため、病因リン酸化酵素Bcr/AblとIRF8の発現抑制機構が明らかになってきた。さらに、IRF8発現回復化合物のスクリーニング系やIRF8により誘起される抗腫瘍免疫の評価系の開発研究を継続した。一方、翻訳後修飾を基盤とした抗HIV薬の開発研究では、宿主因子ASK-1がHIVのVif蛋白質のユビキチンリガーゼ複合体形成を阻害し、核酸編集酵素A3Gの抗HIV活性を高めることを示唆する結果が得られた。また、HIVのVpu蛋白質などを標的とするユビキチンリガーゼを見いだした。人工がん幹細胞モデルを活用したがん治療薬の開発研究では、がん幹細胞バイオマーカー候補を検出し、がん幹細胞を標的にした薬剤スクリーニング系を構築した。B型肝炎創薬研究に関しては、宿主防御因子の抗B型肝炎ウイルス活性について調べた。

(e) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(機能性食品):内臓脂肪を低減する効果のあるラクトフェリンは、脂質代謝関連蛋白質と相互作用して効果を発揮することが明白になった。歯周病と糖尿病との関連を解析するため、唾液、歯槽骨、歯根膜などの蛋白質分析法を開発した。また、コラーゲンの経口投与によって、コラーゲン由来トリペプチドが血中で一過的に出現すること、紫外線照射マウスの皮膚で濃度が上昇すること、また、ケラチノサイトの接着制御蛋白質の量が変動することなどが明らかになった。

(f) 拠点形成とシステム改革:

(1.拠点運営に係わる研究戦略部会、拠点運営会議、諮問委員会等を開催した。

(2.拠点の整備 拠点の中心施設としての先端医学研究センター研究棟を増築し、設備の充実を図った。また、バイオインフォマティクス解析室、無細胞蛋白質合成研究支援室、トランスレーショナルリサーチ推進室、バイオバンク室の整備を進めた。

(3.若手研究チームの支援 若手研究チームの研究を支援した。

(4.研究会・シンポジウムの開催 公開シンポジウムを1回、プロテオーム医療創薬研究会を5回(うち1回はトランスレーショナルリサーチセミナー共催)、バイオインフォマティクス研究会を6回開催し、参画研究

者の資質の向上を図った。また、創薬シーズ開発研究会を1回開催し産学連携の可能性を探った。さらに市民講座を開催し、研究成果や情報を一般研究者、市民に提供した。

i. 平成28年度

(1) 計画

(a) 基盤技術の開発

(1. MS等:糖蛋白質を効率的に検出するため、糖ペプチド濃縮方法を開発する。神経変性疾患とGPIアンカー修飾蛋白質の関係を調べる。独自の翻訳後修飾データベース ModProt を充実させる。MALDI-MSD/CID法を用いた新しいリン酸化蛋白質検出法の開発、MALDI-MSD法を基盤とした分子イメージング法の開発を継続して行う。一方、AMPA受容体のPETイメージング法を確立する。

(2. 構造解析・薬物設計: α エンハンソーム複合体成分の活性を阻害する化合物の結合親和性の測定を行う。また、阻害作用を評価する新しい方法を開発する。ヒト抗PAD4抗体をモデルマウスに投与し、関節リウマチに対する炎症抑制効果を検証する。立体構造解析のため、LOTUS及びNogo受容体の安定発現株を構築する。また、CRMP2とhCdk5の相互作用を解析するため、hCdk5を調製する。ポリユビキチンのリンケージ特異性やヘテロクロマチン蛋白質1のリン酸化によるヒストン認識制御について構造シミュレーション解析を行う。また、ヒト蛋白質リン酸化データベースを構築する。

(b) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(がん等):子宮頸がんの前がん病変CIN1の病状進行予測法の改良、同がん浸潤に係わるaPKCの関連因子などを解析する。卵巣明細胞がん、肺腺がん、前立腺がん、乳がん、膀胱がん、腎症、川崎病などと関連する蛋白質を検出・同定し、それらの臨床的な役割を検証する。また、診断マーカーとしての有用性を検討する。治療抵抗性をもつ膵がん幹細胞で発現するトランスポーターを予後予測マーカーとして利用できるか明らかにする。さらに、膵がんオルガノイド移植後に形成された腫瘍の薬剤感受性を評価し、その薬剤評価系としての有用性を検証する。一方、ゲノム解析機器を駆使してヒト発生・発達異常の原因遺伝子を特定し、それを利用した診断法を開発する。

(c) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(精神神経疾患等):化合物T817は、脳損傷によって失われた運動機能の回復を促進することが明らかになったが、この化合物がどのように脳の機能の回復に係わっているのか解析する。また、カンクイザルを用いてこの化合物の効果を検証し、リハビリテーション効果促進薬として第二相治験を開始する。一方、AMPA受容体標識PETプローブの毒性検査を行い、ヒトでの撮像を開始する。また、CRMP2蛋白質とヒト神経疾患との関連性を追究する。

(d) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(免疫疾患等):全身性エリテマトーデスの治療薬開発のため、IRF5の活性を制御する化合物の中から有効性の高いものを選抜する。また、慢性骨髄性白血病の治療薬開発のため、病因リン酸化酵素Bcr/AblとIRF8の発現抑制機構について解析を継続する。さらに、IRF発現回復化合物のスクリーニング系、IRF8より誘起される抗腫瘍免疫の評価系などを確立する。一方、翻訳後修飾を基盤として抗HIV薬の開発、人工がん幹細胞モデルを活用した抗がん剤耐性機構の解明に関する研究を進める。また、B型肝炎に関しては、HBVポリメラーゼを標的とした薬剤スクリーニング系の構築、ウイルスの中和抗体や侵入阻害剤の開発を行う。

(e) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(機能性食品):唾液や歯のプロテオーム解析手法を確立し、歯周病と糖尿病に関連して発現が変動する蛋白質を明らかにする。一方、コラーゲン由来ペプチドの生体中での機能を明らかにするため、同ペプチドの受容体またはトランスポーターが存在するかどうか調べる。さらに、同ペプチドの細胞シグナル系、遺伝子発現などへの影響に関して解析する。

(f) 拠点形成とシステム改革:

(1. 拠点運営に係わる研究戦略部会、拠点運営会議、諮問委員会等を開催する。

(2. 拠点の整備 バイオインフォマティクス研究室、トランスレーショナル研究室、バイオバンク室のさらなる整備を進める。

(3. 若手研究チームの支援 若手研究チームの研究を支援する。

(4. 研究会・シンポジウムの開催 公開シンポジウム、プロテオーム医療創薬研究会、バイオインフォマティクス研究会を開催し、参画研究者の資質の向上を図る。また、市民講座を開催し、研究成果や情報を一般研究者、市民に提供する。

(2) 実績

(a) 基盤技術の開発

(1. MS等:糖蛋白質を効率的に検出するため、従来の検出法(N-glyco-FASP法)を改良した。その結果、糖ペプチドの検出効率は大幅に改善された。一方、GPIアンカー結合蛋白質検出法を確立し、新規GPI結合蛋白質を多数検出することに成功した。しかし、GPIアンカー修飾と疾患の関係解明までには至らなかった。本プロジェクトで開発されたMALDI-MSD/CID法によって効率的にリン酸化部位やジスルフィド結合を解析できることが示された。また、AMPA受容体集積部位を同定するため、AMPA受容体標識PETプローブを作製した。さらに、本プロジェクトで明らかにされた約4千蛋白質、14万ペプチドの翻訳後修飾情報を収納した独自のデータベースModProtを作成した。

(2. 構造解析・薬物設計:エンハンソーム複合体構成成分Runx1のDNA結合を阻害する化合物のRunx1との相互作用の強さとDNA結合阻害の関係を明らかにした。また、Runx1の転写活性化能に与える影響を培養細胞株で評価する方法を確立した。ニワトリの抗PAD4抗体が関節リウマチ原因蛋白質PAD4のW347の機能を抑制することがわかった。一方、脳脊髄の神経再生を阻む作用を抑制するLOTUS及びNogo受容体などのX線結晶構造を解明するため、LOTUSに変異導入を行い、分散性を改善した。また、浮遊系の培養細胞を用いることでNogo受容体の一過性発現量を増加させることができた。なお、CRMP2との相互作用を解析するため、サイクリン依存性キナーゼ5をバキュロウイルス系で発現を試みたが、可溶性画分に目的の蛋白質は回収できなかった。一方、構造シミュレーションによってモノユビキチンのK48の結合によってジユビキチンになるために必要な複合体構造を予測した。ヒストンの翻訳後修飾は転写活性を制御することが知られているが、ヒストンの天然変性領域HP1におけるリン酸化がフレキシブルなヒストンテイルとの相互作用にどのような効果をもたらすかを明らかにするため、S11、S12、S13及びS14がリン酸化されていないHP1(1-80)、あるいは、リン酸化されたHP1(1-80)とヒストンH3テイル(1-22)の複合体モデルを構築し、シミュレーションを行った。この解析の対象にした原子は192万に及んだ。さらに、構築したデータベースを利用してキナーゼに対する薬剤結合部位の特徴を明らかにした。

(b) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(がん等):aPKCの核移行時に子宮頸がんの浸潤能を司る新規分子の同定に成功した。aPKCの核移行を集団細胞診断で利用すべく検討を行い、克服すべき技術的な課題を見いだした。また、細胞極性の空間的起点形成の要となる新規分子を発見し、その作用機構を解明した。mRNA監視系に係わるSMG1複合体の新しいリン酸化基質蛋白質を発見した。さらに、mRNA監視系を標的とした制がん剤候補分子の同定などで成果が挙げられた。一方、卵巣明細胞がん、肺腺がん、腎症、膵がんなどに関連する蛋白質を検出・同定した。卵巣明細胞がん関連蛋白質については、多数の検体を用いた臨床検証が行われ、診断マーカーとして実用化する目途が立った。また、膵がんの予後予測に利用できる可能性の高い蛋白質を見いだした。膵がんに関して微小環境を再現できる器官原器(オルガノイド)を作製し、新規薬剤評価系を開発した。その他、小児期早期に発症、中枢神経系が進行性に変性する疾患の原因になる遺伝子を同定した。また、いまだに病因にわからない乳幼児疾患である川崎病の急性期と回復期の患者血清で発現量が変動する蛋白質を見いだした。多数の臨床検体を解析し、これらの蛋白質が川崎病の診断マーカーとして利用できることを示した。

(c) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(精神神経疾患等):これまでにリード化合物T817が脳損傷によって失われた運動機能の回復を促進することを明らかにした。今年度は、本化合物による運動機能の回復のためには、AMPA受容体シナプス移行が不可欠であることを見いだした。本化合物の運動機能回復促進効果は、カンクイザルを用いた研究でも確認することができた。AMPA受容体の機能が重要であることから、同受容体の集積部位を解析するため、同受容体に特異的に結合するPETプローブを作製した。一方、CRMPファミリー遺伝子欠損マウスを作製し、CRMPファミリーの機能解析を行った。CRMPとヒト神経疾患との関係を追究する基礎ができた。

(d) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(免疫疾患等):全身性エリテマトーデスの発症には転写因子IRF5が関わっている。IRF5の活性を阻害する化合物をスクリーニングし、有望な化合物を見いだした。慢性骨髄性白血病の発症に係わるリン酸化酵素Bcr/Ablが転写因子IRF8の発現を抑制する機構が明らかになった。これらの研究を行う上で必要な化合物のスクリーニング系や抗腫瘍免疫の評価系などの開発も行われた。一方、HIVのVpx蛋白質をユビキチン化する宿主リガーゼを同定した。また、HIVプロテアーゼによって活性化されるキナーゼの自然免疫における役割を明らかにした。さらに、そのプロテアーゼの薬剤耐性表現型検査法を開発した。人工がん幹細胞モデルを活用したが

ん治療薬の開発研究では、がん幹細胞の増殖を抑制する化合物を発見した。B 型肝炎創薬研究に関しては、B 型肝炎ウイルスの逆転写酵素などを標的とした薬剤のスクリーニング系、ウイルス中和抗体や侵入阻害剤開発に必要な基礎データを収集した。

(e) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(機能性食品):唾液や骨の多数の蛋白質を網羅的に解析することができる技術を開発した。歯周病と糖尿病マウスで共通して発現が変動する唾液及び歯槽骨の蛋白質を検出・同定した。また、経口投与したコラーゲン由来のペプチドが皮膚に移行することを証明した。コラーゲン由来のペプチドの役割を明らかにするため、このペプチドと相互作用する生体分子を探索したが、発見には至らなかった。

(f) 拠点形成とシステム改革

(1. 拠点運営に係わる研究戦略部会、拠点運営会議、諮問委員会等を開催した。

(2. 拠点の整備:バイオインフォマティクス解析室、トランスレーショナルリサーチ推進室、バイオバンク室のさらなる整備を進めた。

(3. 若手研究チームの支援:若手研究チームの研究を支援し、研究成果報告会を開催した。

(4. 研究会・シンポジウムの開催:公開シンポジウム 1 回、プロテオーム医療創薬研究会 1 回、バイオインフォマティクス実習コース 5 回、創薬シーズ開発研究会 1 回を開催し、参画研究者の資質の向上を図った。また、市民講座を開催し、研究成果や情報を一般研究者、市民に提供した。

j. 平成 29 年度

(a) 基盤技術の開発

(1. MS 等:新規質量分析法、MALDI-MSD/CID 法を確立する。そのために、ペプチドイオン収量の向上を図ると共に、ペプチド主鎖の特異的かつ効果的に切断を可能にする試薬を明らかにする。また、翻訳後修飾データベース、ModProt を拡充、これを利用した診断方法の開発などを進める。

(2. 構造解析・薬物設計:急性白血病の発症進展に係わる転写因子 Runx1 の活性を阻害する化合物の阻害効果を評価する。関節リウマチなどの自己免疫疾患の治療に効果が期待されるヒト化抗 PAD4 抗体の関節リウマチ炎症抑制効果を検証する。構造シミュレーションなどによりプロテインキナーゼやユビキチンリガーゼの基質特異性決定因子や薬剤との相互作用特性などを解明する。

(b) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(がん等):卵巣明細胞がん診断マーカー候補蛋白質 TFPI2 を検出できる診断薬の臨床性能試験を完了し、実用化を達成する。また、これまでに検出・同定された肺腺がん、前立腺がん、乳がん、膀胱がん、腎症、川崎病(原因不明)関連蛋白質の臨床的な役割を検証する。細胞極性複合体と細胞極性形成機構の解明により、新規診断マーカー及び創薬標的候補を同定する。mRNA サーベランス複合体の機能解析で得られた成果を利用した新規な創薬開発を進める。また、ヒト膵がん幹細胞特異的なトランスポーターの発現と臨床情報の相関の有無を明らかにすると共に、創薬スクリーニングに有益なヒト膵がんオルガノイドのライブラリ構築に向け、複

数の臨床検体からプライマリヒト膵がん細胞を樹立し、特性解析を進める。一方、ヒト発生・発達異常のうち原因の特定されていない疾患群を対象に、原因遺伝子を特定し、効率的な確定診断法を開発する。さらに、本プロジェクトで研究対象としている AMP 受容体などの体内動態を PET で解析するため、PET 製剤の製造体制、臨床試験実施体制を整備する。

(c) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(精神神経疾患等): T817 の脳の機能、AMPA 受容体のシナプス移行、スパインの形態変化における役割をげっ歯類を用いて検証する。また、T817 のリハビリテーション効果促進薬として治験 Phase II を開始する。AMPA 受容体標識 PET Probe のヒトでの撮像を開始し、疾患(癲癇、統合失調症、薬物依存等)患者の撮像も開始する。げっ歯類の疾患モデル(脳損傷モデル、うつ病モデル、癲癇モデル等)における撮像を行い、ヒトとの共通領域を絞り込んでいく。一方、統合失調症患者血液の CRMP2 と臨床データとの相関を明らかにする。また、アルツハイマー病に伴う脳のリン酸化蛋白質の変動を調べる。さらに CRMP ファミリーに属する蛋白質の病態生理学的役割を明らかにする。

(d) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(免疫疾患等):全身性エリテマトーデスの治療法開発のため、IRF5 阻害剤開発を目指す。HTS で得たヒット化合物からリード化合物を選定し構造最適化に着手する。新たに作製した抗リン酸化 IRF5 抗体を用いて臨床検証を行う。また、慢性骨髄性白血病の次世代治療法開発のため、BCR-ABL による IRF8

遺伝子発現抑制機構の解明に加え、IRF8 の発現回復が生体レベルで「腫瘍免疫アクセル回復」をもたらすのかが明らかにする。さらに PD-L1 や好塩基球による「腫瘍免疫ブレーキ発動」の病態学的意義や分子機序などを解析する。一方、免疫不全ウイルス複製制御機構の解明、人工ヒトがん幹細胞モデル系を用いてがん幹細胞を標的とする薬剤の開発、B 型肝炎ウイルスに対する新規治療薬の開発などを推進する。

(e) 翻訳後修飾蛋白質の検出・機能解析(機能性食品):唾液や歯のプロテオーム解析手法を確立し、歯周病と糖尿病に関連して発現が変動する蛋白質の生体における役割を明らかにする。一方、コラーゲン由来ペプチドの生体中での機能を明らかにする(機能性エビデンスの取得を目指す)。

(f) 拠点形成とシステム改革

(1. 拠点運営に係わる研究戦略部会、拠点運営会議、諮問委員会等を開催する。

(2. 拠点の整備:バイオインフォマティクス研究室、トランスレーショナル研究室、バイオバンク室のさらなる整備を進める。single cell RNA-seq、深層・機械学習など、高度なバイオインフォマティクス技術を取り入れ、拠点の解析能力を向上させる。

(3. 研究会・シンポジウムの開催 公開シンポジウム、プロテオーム医療創薬研究会、バイオインフォマティクス研究会を開催し、参画研究者の資質の向上を図る。また、市民講座を開催し、研究成果や情報を一般研究者、市民に提供する。産学連携と、大学のシーズを創薬に繋げる研究を推進するため、創薬シーズ開発研究会を開催する。

氏名	所属部局・職名	当該構想における役割
◎二見良之	理事長	◎総括責任者
○大野茂男	学術院・教授	○拠点長、研究戦略部会長、がん研究・機能性食品研究チームリーダー
平野 久	特任教授	研究統括、蛋白質探索研究チームリーダー・機能性食品研究チームリーダー
緒方 一博	学術院・教授	蛋白質探索研究チームリーダー
高橋 琢哉	学術院・教授	精神神経疾患研究チームリーダー
田村 智彦	学術院・教授	免疫疾患研究チームリーダー
大滝 義博	メディカル・プロテオームスコープ・社長	疾患に関連する翻訳後修飾の解析技術の開発とその応用
荻原 真二	富士ファイルム・統括マネージャー	人工がん幹細胞を用いた翻訳後修飾異常の解析
田中 孝祐	ライオン・部長	ラクトフェリンの脂質代謝への影響、新機能開発
塚原 克平	エーザイ・hccデータクリエイションセンターセンター長(兼)筑波研究所長	免疫系転写因子群の翻訳後修飾と機能解析
寺本 祐之	ファンケル・総合研究所・所長	新規の表皮バイオマーカーの探索と機能性製品の開発
林 俊典	東ソー・開発部長	診断マーカーの開発及び実用化
満山 順一	富山化学工業・総合研究所長	翻訳後修飾異常に起因する精神疾患の治療薬の開発
二宮 真一	積水メディカル・創薬支援事業部長	がん由来樹立細胞株のライブラリー化及びバイオマーカー探索
尾澤 哲	セルフリーサイエンス・社長	抗 HIV 薬の開発、B 型肝炎ウイルス複製阻害剤の開発など

