

(株) ツムラ スポンサーセッション
漢方ミクス (KAMPOmics) -超多成分系のインフォマティクス-

日時：2018年10月11日(木) 13:30~15:30

会場：タワーホール船堀(東京) 2F 平安の間

座長：広川貴次(産業技術総合研究所)、有田正規(国立遺伝学研究所)

漢方薬は日本で独自の発展を遂げた漢方医学を元に様々な疾患に対して処方されており、現代の日本の医療に不可欠な存在となっている。漢方薬の臨床上的有用性は明らかとなりつつあるものの、その作用機序や漢方医学の概念については依然として不明な部分が多い。一つの漢方薬には数千を超える成分が含まれ(右ページ図の I)、しかもこれらは服用後生体内で多様な変換を受ける(II)。これらの成分は多彩な標的分子に作用し(III)、漢方薬の最終的な薬効はこれらの総合的作用としてもたらされる(IV)。このため、漢方薬の解明に対して、主に単一成分についての解析手法として発展してきた従来の薬理的・生物学的研究手法の限界は明らかである。このような薬剤の解明には、含有成分/活性成分及び生体に与える影響の包括的・網羅的解析が不可欠であり、マルチオミクスやMSデータからの化合物構造推定、in silico シミュレーションによる生物活性予測、漢方薬・生薬・天然物データベース*等を駆使し、またそれらをシステムバイオロジーによって統合的に理解することが必要である。情報解析技術の驚異的な進展は、かつては夢物語であったこのような研究アプローチを現実のものとしつつある。本セッションでは、マルチオミクスによる漢方薬の成分・薬理研究へのバイオインフォマティクス、計算機科学の適用による統合的な解析の取り組みや関連するデータベース・データリポジトリなど技術基盤について共有し、漢方薬のような超多成分系を「科学する」ための展望を論じる。

【プログラム】

SS-03-01. ターゲット/ノンターゲット・メタボロミクスが拓く漢方薬の薬物動態研究
花崎 和弘(高知大学)

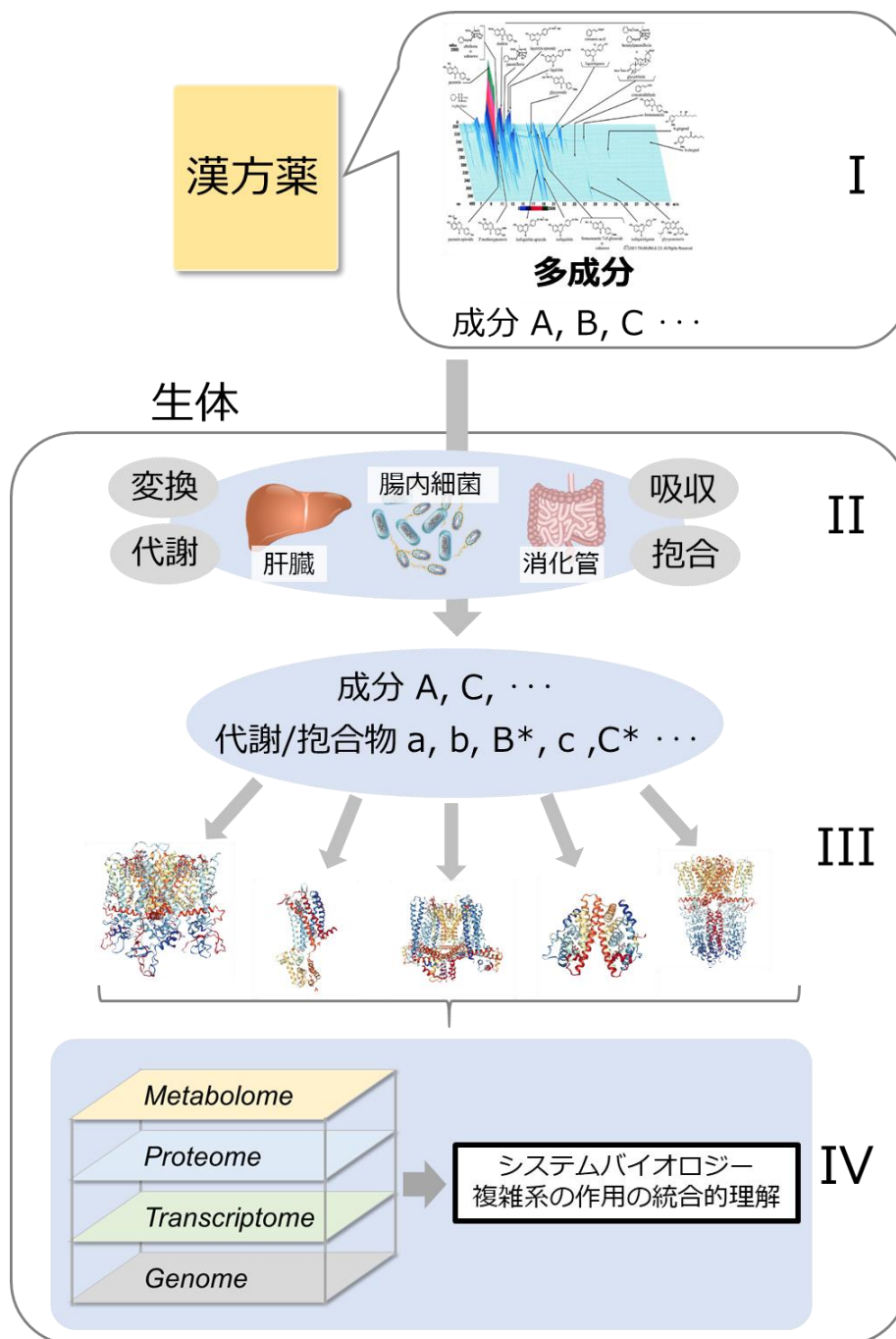
SS-03-02. 漢方薬の作用の包括的解析:新しい抗炎症作用のかたち
西 明紀(ツムラ)

SS-03-03. 抱合体、フラボノイドの網羅的解析手法の紹介とその応用
櫻井 望(国立遺伝学研究所)

SS-03-04. 漢方薬由来成分の in silico 活性予測
大淵 勝也(ツムラ)

SS-03-05. システムバイオロジーによる漢方薬研究の脱構築
松岡 由希子(システム・バイオロジー研究機構)

漢方ミクス (KAMPOmics)



*関連データベース・データリポジトリ

- 1) Metabolomics.jp (http://metabolomics.jp/wiki/Main_Page)
- 2) FlavonoidSearch (<https://www.nature.com/articles/s41598-017-01390-3>)
- 3) KNAPsAcK (http://kanaya.naist.jp/KNAPsAcK_Family/)
- 4) KEGG MEDICUS (<https://www.kegg.jp/kegg/medicus/>)
- 5) 和漢薬 Wiki データベース (http://wakankensaku.inm.u-toyama.ac.jp/wiki/Main_Page)
- 6) 薬用植物総合情報データベース (<http://mpdb.nibiohn.go.jp>)
- 7) 伝統医薬データベース (<http://dentomed.toyama-wakan.net/>)