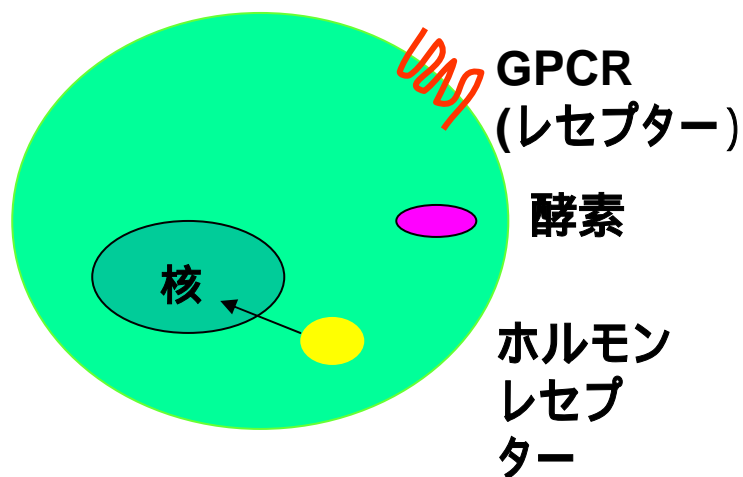
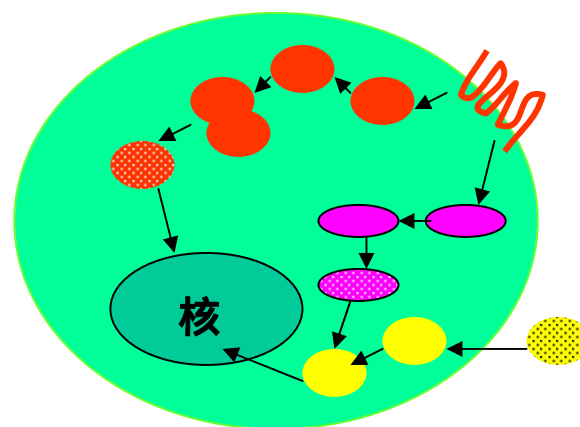


蛋白質-蛋白質相互作用と創薬

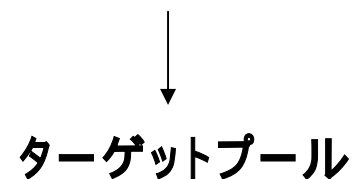
これまでの創薬



ゲノム/プロテオーム創薬

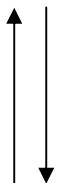


- 新規特異的ターゲット
- ターゲット
- 新規ドラッグアブルターゲット



蛋白質-蛋白質相互作用から 知的財産権創生へ

1) 集中的解析(右図)



- ・公共DB(既知データ)参照
- ・遺伝子発現データ
- ・蛋白質複合体データ

2) 個別研究(右図)

3) 着目相互作用(群)のvalidation (相互作用の生理学的意味)

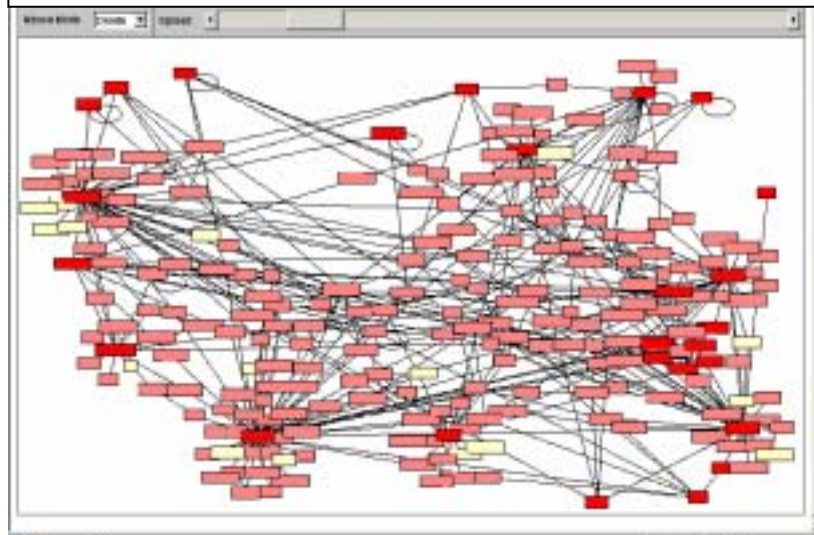
- ・細胞レベルアッセイ
- ・ケモジェノミクス、ケモプロテオミクス
- ・cSNP-相互作用相関

4) 特許出願

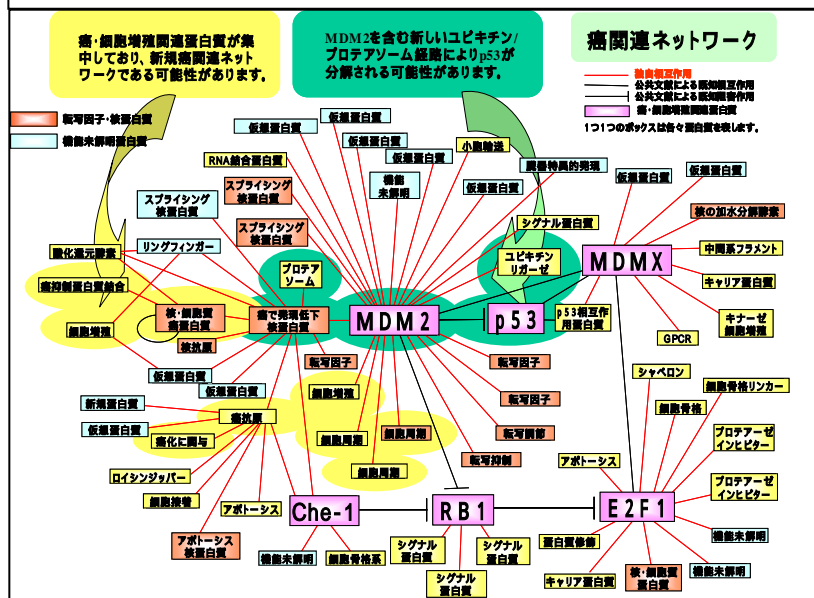
特許クレーム骨子(例)

1. 蛋白質-蛋白質からなる単離された蛋白質複合体
2. 蛋白質複合体に対する各種抗体
3. 抗体による蛋白質複合体の検出法
4. 蛋白質複合体形成の阻害または促進に影響を与えるモジュレーターの選択法
5. モジュレーターが蛋白質間相互作用を調節できるか否かの判定法
6. モジュレーターによる、蛋白質複合体の生理機能の調節法
7. 蛋白質(複合体)またはその抗体を含む薬剤組成
8. 蛋白質複合体(の異常)による患者の診断法(キット)

集中的(網羅的)解析



個別(疾病特異的)研究



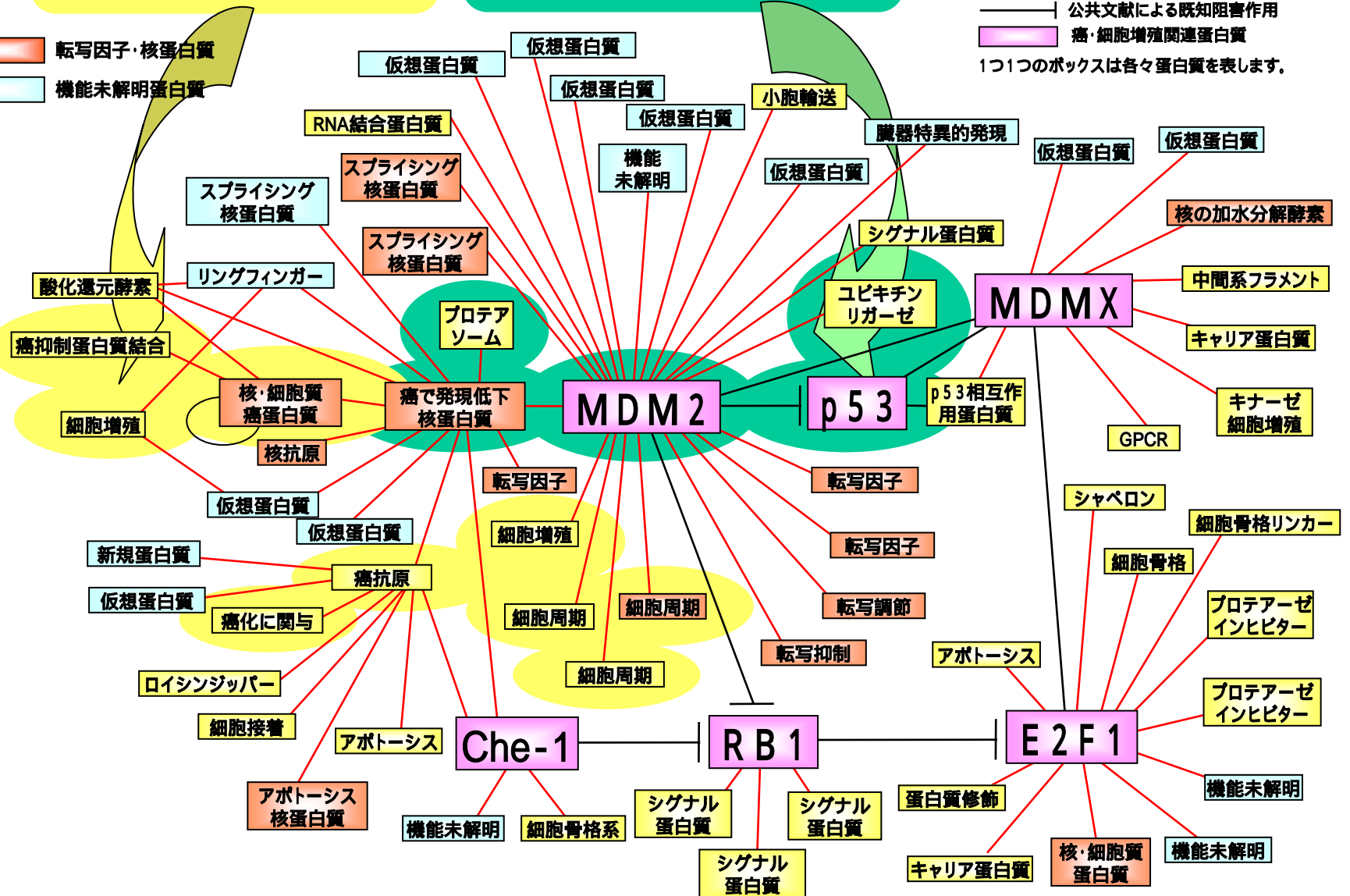
癌・細胞増殖関連蛋白質が集中しており、新規癌関連ネットワークである可能性があります。

MDM2を含む新しいユビキチン/プロテアソーム経路によりp53が分解される可能性があります。

癌関連ネットワーク

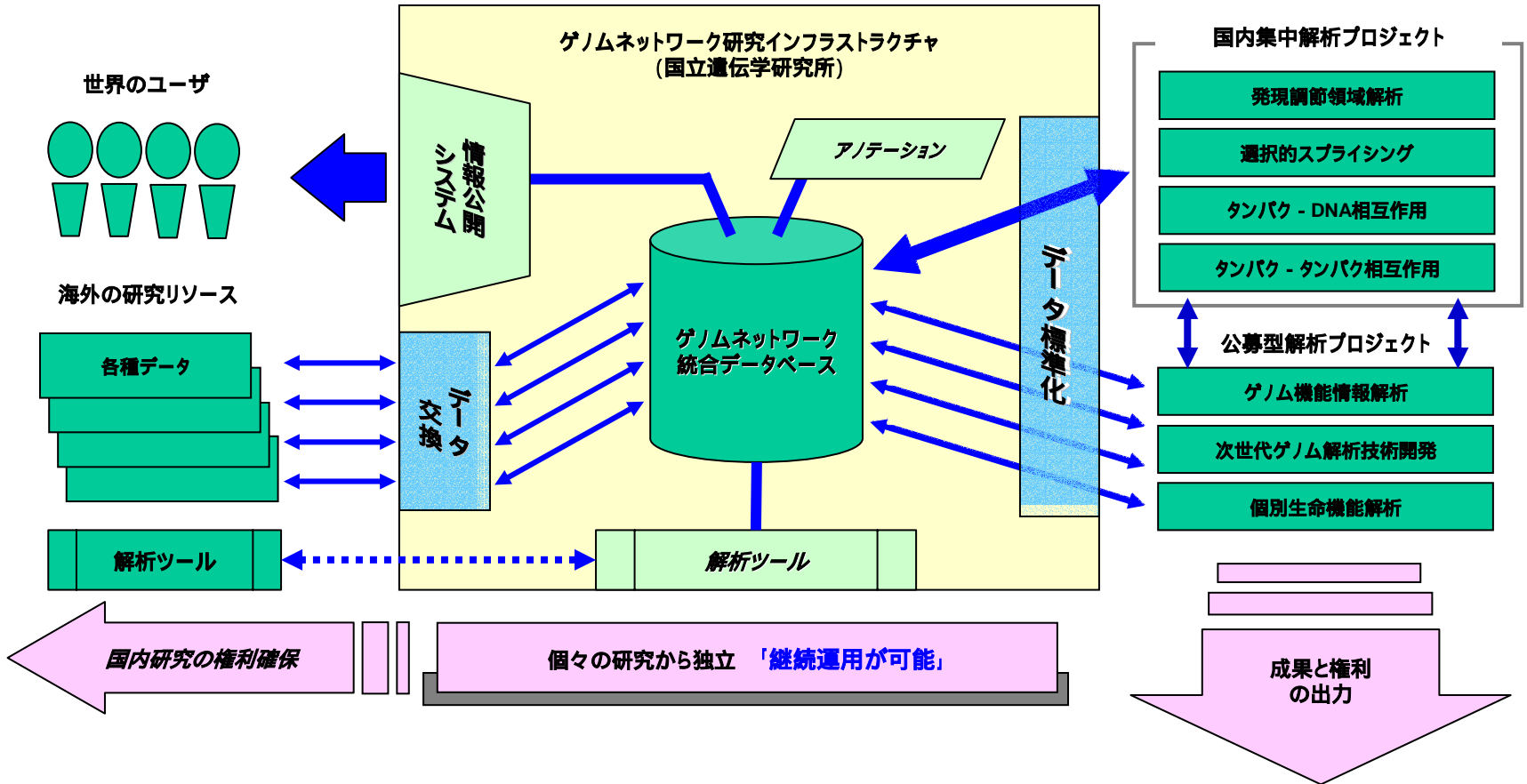
— 独自相互作用
 — 公共文献による既知相互作用
 — 公共文献による既知阻害作用
 ■ 癌・細胞増殖関連蛋白質
 1つ1つのボックスは各々蛋白質を表します。

■ 転写因子・核蛋白質
 ■ 機能未解明蛋白質

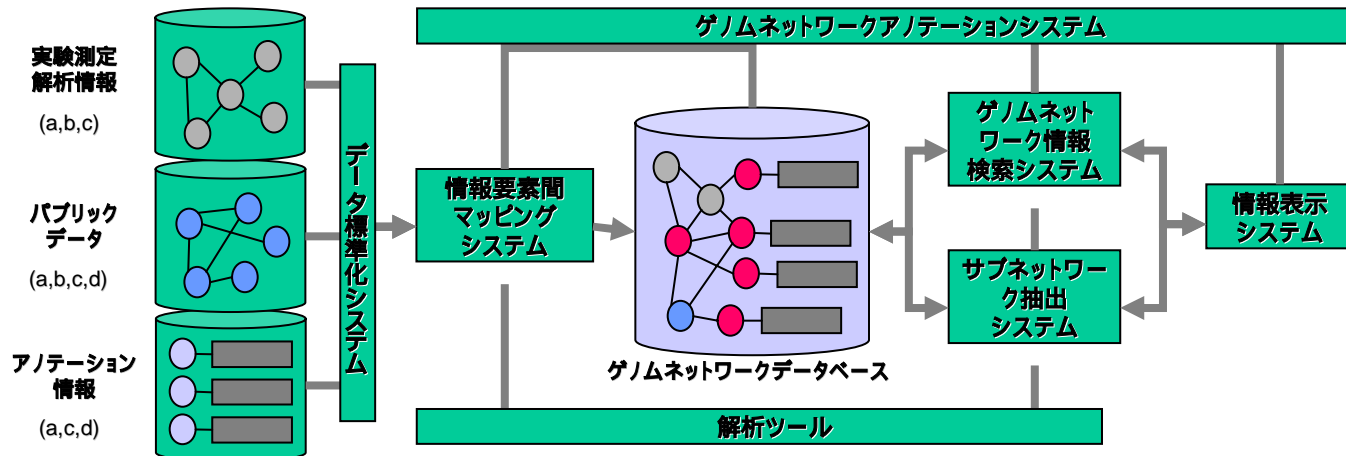


ゲノムネットワーク 統合データベースの構築

- バイオプラットフォームの形成 -



ゲノムネットワーク 統合データベースの構成



ゲノムネットワーク 統合データベースの利用

