

ヒト薬物トランスポーターのゲノム・データベースの構築

北島 正人, スイロイ ホセ (株式会社富士通九州システムエンジニアリング), 松田 秀雄 (大阪大学), 石川 智久 (東京工業大学)

ヒト薬物トランスポーターは、薬物の吸収、分布、排泄に大きく関わっている膜蛋白質である。薬を設計するときに、薬理効果を向上させたり、副作用を軽減させるためには、このトランスポーターの情報が非常に重要となってきている。

また、最近のヒトゲノム解析の発展により、個々のヒト薬物トランスポーターの蛋白質及び遺伝子レベルでの研究が盛んに行われている。

我々は、これらの研究から得られる知見とバイオインフォマティクス技術を利用した解析結果を併せて、ヒト薬物トランスポーターのゲノムデータベースを構築した。

このデータベースには、トランスポーター遺伝子の各種アノテーション情報として、機能情報、染色体位置情報、SNPs情報、プロモータ解析情報等が収められている。

特に、プロモータ解析情報はいくつもの転写制御因子の存在を予測した結果が格納されており、組織特異的な発現や各薬物の投与による遺伝子発現解析に役立つものと期待される。

本発表では、これらのデータベースの概要を説明するとともに、バイオインフォマティクスを活用して創薬につなげるための将来展望について説明する。