

生体内ソーシャルネットワーク地図 によるインフルエンサー分子探索

ゲノム解析技術を用いた新しいハブ分子探索・発見、
有用農業形質・創薬標的の提案

やざき じゅんし

教授 矢崎潤史 (ゲノム生物学研究室)

E-mail junshi.yazaki@setsunan.ac.jp



応用生物
科学科

キーワード 細胞内ネットワーク、相互作用、インフルエンサー・有用分子発見

研究概要

新しいタンパク質機能解析技術を開発し、それにより新規農業形質や人類の研究に資する因子の探索・発見を行います。タンパク分子の相互作用制御が生体システム制御（例：病害抵抗性の高い植物作出、生活習慣病の根治）につながることから、その因子の機能解明は、農業・疾患治療分野でも注目されています。

背景

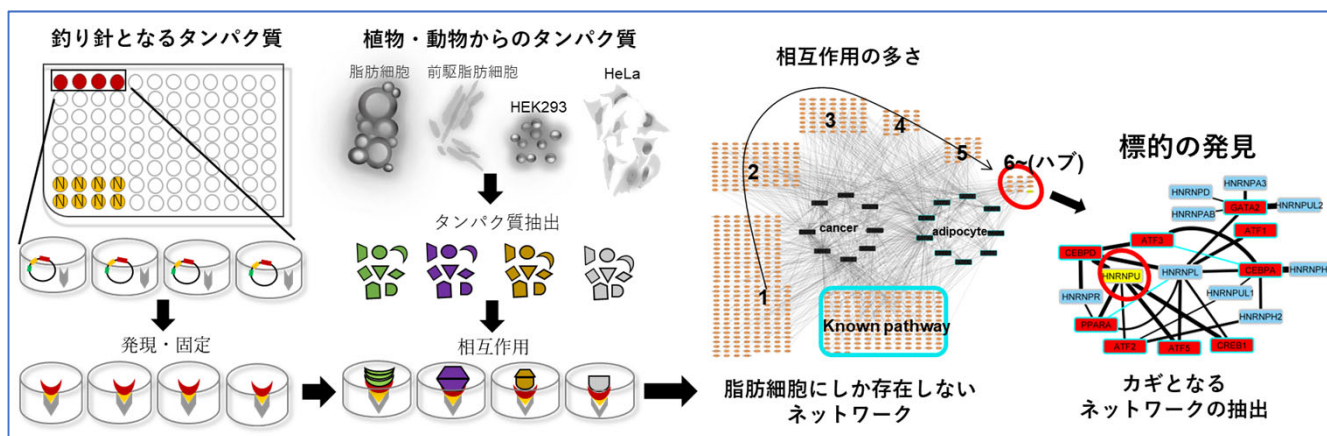
- 新しい農業形質・育種標的、創薬標的が枯渇しつつあります。
- 新規スクリーニング技術の開発は未知の標的探索を可能にし、その枯渇状況を救います。

目的

- 新しいゲノム解析技術を開発し、これまでにない新しい農業形質・創薬標的を発見可能にします。

主な成果

- タンパク質バーコード法を開発し皮膚病の一種である天疱瘡の超早期発見に貢献しました。
- 合成型タンパク質アレイ法を開発し、ホルモン受容体と病気抵抗性に関わるハブ蛋白質を見つけその機能を解明しました。
- 高速免疫沈降-質量分析法を開発し、脂肪代謝におけるインフルエンサータンパク質を発見しました。現在そのインフルエンサーの機能を解析しています。

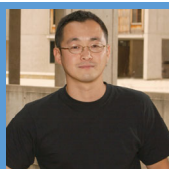


連携への展望

【医療検査・種苗育種との連携】

- ・ タンパク質バーコード法による様々な症例の早期診断方法の提供
- ・ 合成型タンパク質アレイ法による抗体（インフルエンザ、コロナ）のクロス反応検査
- ・ 高速免疫沈降-質量分析法による植物分子ネットワークにおける農業形質に関わる新規インフルエンサー探索

【農業との連携】 タンパク質ネットワーク地図を用いて、環境ストレス耐性を持つ農作物や市場価値の高い有用植物の創出、創薬標的の同定を行いたい。



アピールポイント

技術を開発するだけでなく、その技術が実際に「見つけられる」「表現型が出る・検査できる」を行ってきた実績があります。