

図6. マウス胎児（全胚）と胚様体の発現比較

マウス全胚の胎生6.25日～9.75日までの遺伝子発現と、胚様体の1日～7日目までの遺伝子発現の網羅的データベースから、初期中胚葉分化マーカーであるBrachyury遺伝子と、Cardiac actin遺伝子の経時変化を示す。

なる。エストロゲン活性化学物質による有害影響（内分泌かく乱化学物質問題）も同様にER (estrogen receptor) を介する受容体原性毒性と考えられ、胎生期にERを発現する組織が、低用量シグナルかく乱影響の重要標的であると考えられている。

ここでは、受容体原性毒性研究の基盤として、Percellome手法を適用して、①核内受容体作動性物質によるマウス雄肝臓の遺伝子発現変動、②性周期に伴うマウス雌生殖器遺伝子発現変動、③生後の発達過程におけるマウス雌生殖器遺伝子発現変動、の3種類のデータベースを構築した。例えば、①では10種類の核内受容体に作用する典型物質について、単回経口投与後、2, 4, 8, 24時間目の変動を解析し、Ethinyl-estradiolがGDF15, TCDDがCyp11a1, 9-cis Retinoic AcidがCyp26a1, DexamethasoneがCyp2b10, ClofibrateがCyp4a14, PCNがCyp2c55など、各々の受容体に特徴的な遺伝子発現を誘導するところがとらえられている(図4)。②の性周期データベースは視床下部、下垂体、卵巣、子宮、膣を対象としており、性周期との関連が網羅的にとらえら

れている(図5)。これらのデータベースは、今後、各種の候補物質が引き起こす変化を詳細に解析する際の基準として利用される。

V. 発生トキシコゲノミクスへの応用

発生毒性学は、個体発生過程におけるダイナミックな遺伝子発現調節の分子機構を把握することにより、さらに正確なものに補強されると考える。現在、C57BL/6マウス胚の器官形成初期にあたる胎生6.5～9.5日（プラグ確認日：0.5日）の、①全胚の遺伝子発現変動解析、②遺伝子欠失マウス全胚との比較、および③標的が明らかな既知発生毒性物質投与による本データベースの具体的な適用、を実施している。①についてはすでに0.25日間隔（Time point 計12点）の遺伝子発現データベースを得て、②遺伝子欠失胚のデータといくつかの注目すべき遺伝子についてはwhole mount ISHを用いた発現の検証を加えた。これと並行して、ES細胞からhanging drop法で得た胚様体の0.5日間隔の遺伝子発現データとの比較を実施している。個体発生に関与

する遺伝子群の多くは経時的に激しく変化しており、既知発生毒性物質投与実験については標的遺伝子シグナルカスケードを解析中である(図6)。

おわりに

ノーザンブロットでは実験サンプルにだけバンドが見られ、対照サンプルには遺伝子発現がないという結果を得ても、細胞1個当たりで定量してみると、対照が10コピーに対して実験サンプルが20コピーである場合がある。“無”が“有”になったのではなく、“10”が“20”になったのである。

さて、筆者らの属する毒性学でも、医学の分野でも、疾患概念や毒性概念が整理され、患者や実験動物を診断する際には、まず、そのどれに当てはまるかを検討する。すなわち、どの“典型”に近い症例であるかを検討することから始まることが多い。

しかし、最近の医学・生物学には多因子疾患・多因子形質発現制御の概念が導入され、今から何年か後には、“21世紀初頭までは、患者の遺伝子多型を調べずして治療を行っていた時代”として、“血液型を調べずに輸血していた時代”と並び称されるようになる可能性がある。このような多因子概念が定着すると、その多くは、“有(100%)”“無(0%)”の組み合わせではなく、“70%”“50%”“90%”といった半端な数の組み合わせであることが考えられる。すなわち、今までの離散値的な“典型”例を基準とするアプローチから、

連続値的な病態“スペクトラム”を直接扱うアプローチに変革していく可能性が考えられる。その際の網羅的データの解析とその蓄積の必要性を考えると、遺伝子発現データの定量化・標準化という問題は、今まで以上に重みを増すと考えられる。生命現象の網羅的解析にはトランスクリプトームだけでは不十分であることは自明であるが、この定量性を確保することは、これから実現されるであろう網羅的プロテオミクスなどの基盤としても重要ではないかと考える。

マイクロアレイなどから得られるトランスクリプトーム情報が、今後の医薬品審査や化学物質の安全性評価の際に必須なものとなる時代がすぐそこまで来ていることを念頭に、筆者らはPercellome法をさらに展開し、Percellome Projectデータベースを可能な限り高精度に保ちつつ毒性学的な内容を充実させるべく最大限の活動を継続して行く所存であるが、この技術、あるいは研究内容が毒性学以外の研究分野にもお役に立つことができれば幸甚である。

謝辞 本システムの開発とプロジェクトの遂行に当たっては、当毒性部の全メンバー、特に松田菜穂、辻昌貴、森田敏一、今井あや子、安東朋子、安部麻紀、森山紀子、近藤優子、青柳千百合、相原妃佐子、渡辺忍の各氏の卓越した働きに深謝する。本研究は厚生労働科学研究費補助金H13-生活-012、H13-生活-013、H14-トキシコ-001、H15-化学-002、H18-化学-一般-001などによる。

文献

- 1) Kanno J, et al: BMC Genomics (2006) 7: 64
- 2) 菅野 純ら: 細胞工学 (2004) 23: 685-693
- 3) Matsumoto S, et al: Genome Informatics (2005) 16: 183-194

特集 環境化学物質の作用メカニズムを解き明かす

トキシコゲノミクスの新展開
Percellomeプロジェクトによる2,3,7,8-TCDD - 2,3,7,8-TCDF比較

菅野 純 相崎健一 五十嵐勝秀 北嶋 聡 中津則之 児玉幸夫 高木篤也

別刷

秀潤社
細胞工学
CELL TECHNOLOGY
Vol.26 No.12 2007

特集 環境化学物質の作用メカニズムを解き明かす

トキシコゲノミクスの新展開

Percellome プロジェクトによる 2,3,7,8-TCDD - 2,3,7,8-TCDF 比較

An Attempt for Adding a New Dimension to Toxicogenomics Research : 2,3,7,8-TCDD-2,3,7,8-TCDF Comparison Trial in The Percellome Project

菅野 純 相崎健一 五十嵐勝秀 北嶋 聡 中津則之 児玉幸夫 高木篤也

Jun Kanno, Ken-ichi Aisaki, Katsuhide Igarashi, Satoshi Kitajima, Noriyuki Nakatsu, Yukio Kodama, Atsuya Takagi

Percellome トキシコゲノミクスはマイクロアレイという数万遺伝子の発現レベルを一気に測定するハイスループット技術を利用し、全遺伝子のカスケード解明を最終目標としつつ、従来に比べてより早く安くかつ正確な毒性評価系の確立を目指すものである。筆者らはこのような次世代の毒性評価・予測技術を開発するために、細胞1個当たりの mRNA コピー数を測定する Percellome 法を開発した。今までに90以上の化学物質についての網羅的遺伝子発現情報を得て、なお追加中である。本稿では環境化学物質の一例としてダイオキシンの分子毒性に関わる知見を紹介する。

key words

Percellome Project, 遺伝子発現カスケード, 分子毒性学

i 菅野 純 国立医薬品食品衛生研究所 安全性生物試験研究センター 毒性部 E-mail: kanno@nihs.go.jp

1985年東京医科歯科大学大学院医学研究科博士課程修了。人体病理学、実験病理学専攻。国立医薬品食品衛生研究所毒性部室長を経て、2002年より同部長。内分泌攪乱関連などの分子毒性学研究、Percellome トキシコゲノミクスプロジェクトなどを厚生労働所掌業務の一環として有機的に推進。

相崎健一、五十嵐勝秀、北嶋 聡、中津則之*、児玉幸夫、高木篤也 国立医薬品食品衛生研究所 安全性生物試験研究センター 毒性部
*現(独)医薬基盤研究所 基盤的研究部

はじめに

毒性学は生体 (Biosphere) と外来性物質 (Chemosphere) との相互作用を研究する分野であり、目的は“ヒトの安全”である。日常遭遇する化学物質 (生活化学物質、環境化学物質、医薬品や食品を含む) が摂取された際の安全性を担保するため (毒性評価) に、人体実験が困難な場合、身代わりとしての実験動物の毒性所見をヒトに外挿することが行われてきた。これは両者が基本的に同等の生体反応を示すという前提に基づいている。そして、酵素、膜、DNA など比較的普遍的かつ基本的な標的が主な検討対象となってきた。現在の分子毒性学は、生体反応メカニズムに踏み込み、受容体、転写因子などとの選択的結合によるシグナル伝達障害などの標的の特異性の高いものや、エピジェネティックな発現影響なども直接的な対象とするようになり、基礎分子生物学と直結する時代に入っている。古い話ではあるもののいまだに分子機構の解明が完結していないサリドマイドの催奇形性問題、あるいは、最近の健常人ボランティアに対するバイオ医薬品 (治療薬) の微量投与がその全員を集中治療室送りにした事件は、種差問題の解決を含む分子毒性評価法の確立の重要性と、その現状を示していると考えられる。

I. トキシコゲノミクス

分子毒性メカニズム解析のためのツールの1つに mRNA を対象とするトキシコゲノミクスがあり、見落としのない網羅性が要求される毒性学では全遺伝子のカスケード解明がそ

の最終目標となる。これにより従来に比べて早く安く正確な毒性評価を目指すことができる。そして、種差・個体差、一生涯の反応性を修飾する胎生期・産産期影響、あるいは複合作用などを包括的に扱う際には、生命科学の各分野との緊密な連携が必須となる。また、従来の毒性学に対してのトキシコゲノミクスは、例えば光学顕微鏡に対しての電子顕微鏡のような立場にあると考えられる。電子顕微鏡が広く用いられるようになるには、教科書や図譜が必要であったように、トキシコゲノミクスの実用化にはある程度の量のデータの蓄積と解析のための基礎研究 (関連分野との連携を含む) が必要である。そこで、筆者らは、情報の互換性を確保するために細胞1個当たりの mRNA 発現コピー数を得る Percellome 手法を開発した。これを基盤としたプロジェクトを展開中であり、今までに90以上の化合物についてのデータを蓄積し、その解析ツールを開発している。

II. Percellome 法

原理は単純で、サンプルの細胞数を測る代わりに DNA 濃度を精密に計測し、それをもとに外部標準 mRNA (スパイク RNA) を細胞1個当たり決まった分子数だけそのサンプルに添加し、そして RNA 抽出・測定に移る。スパイク RNA の測定値を基準に、サンプルの各 RNA の測定値を細胞1個当たりのコピー数に換算する^{1)~3)}。これにより、実験操作、試薬やマイクロアレイのロット差などによる系統誤差を相殺するという本来の目的が果されるほか、測定過程における各種の異常が高感度に検出されることから、品質管理精

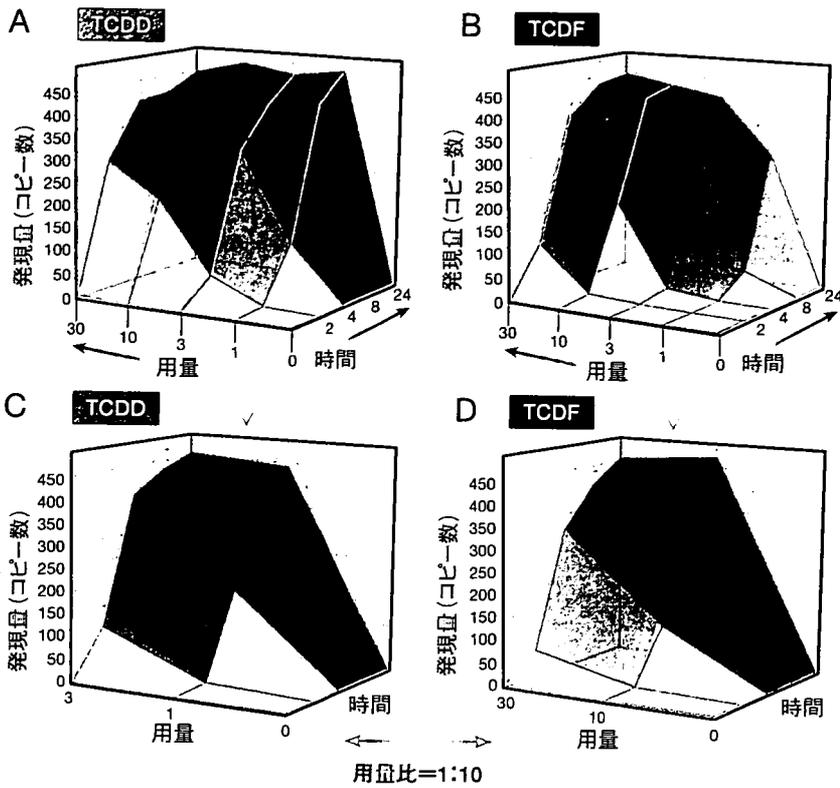


図1. TCDDとTCDFのPercellomeデータ：TEF 依存遺伝子の抽出法 (1)

TCDDおよびTCDFの単回経口投与をC57BL/6雄マウスに行った。用量は両実験とも0(溶媒対照), 1, 3, 10, および30 $\mu\text{g}/\text{kg}$ とし, 投与後2, 4, 8, および24時間後に肝を採取しマイクロアレイ解析を行った(両動物実験は1カ月を隔てて, 国立医薬品食品衛生研究所, 環境保全型動物実験施設内にて厳重管理の下に実施された)。代表例としてcytochrome P450, family 1, subfamily a, polypeptide 1 (Cyp1a1; Affymetrix probe ID 1422217_a_at)を示す。A: TCDDによるCyp1a1の発現変動のSurface(反応曲面)表示。B: TCDFによるCyp1a1の発現変動のSurface表示。丁度, 用量について10倍ずれた反応を示している。C: TCDDの3, 1, 0から作製したSurfaceとD: TCDFの30, 10, 0から作製したSurfaceが形状および発現値ともほぼ完全に一致している。このような遺伝子をTEF依存性とした。

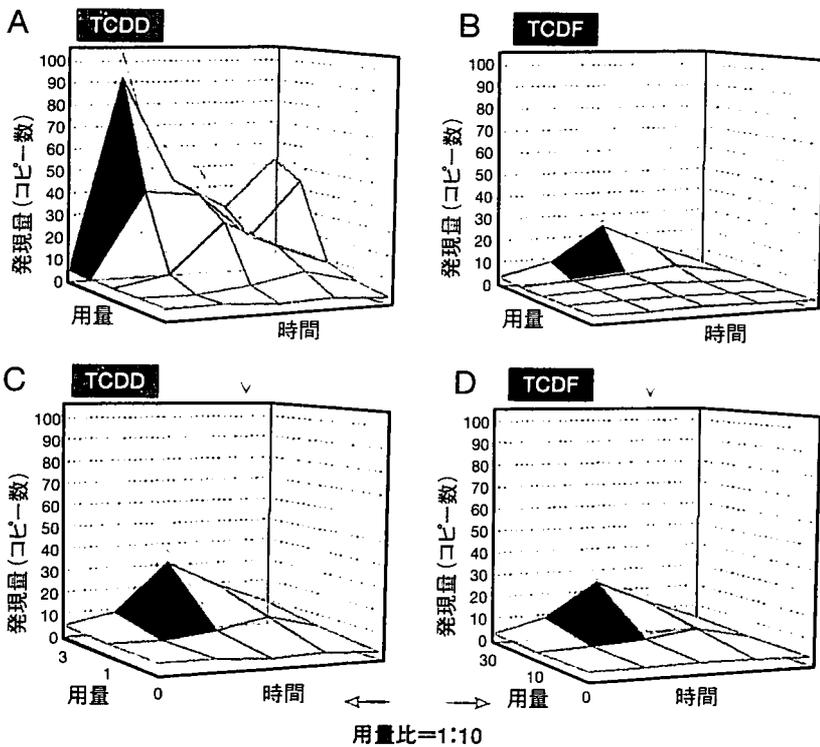


図2. TCDDとTCDFのPercellomeデータ：TEF 依存遺伝子の抽出法 (2)

TEFに従うもう1つの例としてTCDD-inducible poly (ADP-ribose) polymerase (Tiparp; 1452160_at)を示す。A, B, C, Dは図1と同様の表示。AとBを比較すると一見違った反応をしているようだが, CとDを比較するとTEF依存性であることがわかる。

度の向上が図られている。例えば, 高密度マイクロアレイで問題となるプローブの飽和によるダイナミックレンジの狭小化の検証・回避に役立っている。新世代Affymetrix GeneChipにおいて高発現遺伝子プローブが容易に飽和し高用量域で定量性を失う現象は, 一般的なデータ標準化手法

では検出困難であり, Percellome法を用いて初めて直接的に感知することができる。現在, 筆者らはサンプルRNA量をメーカー推奨プロトコルの半量にすることなどにより効率的にこれを回避している。

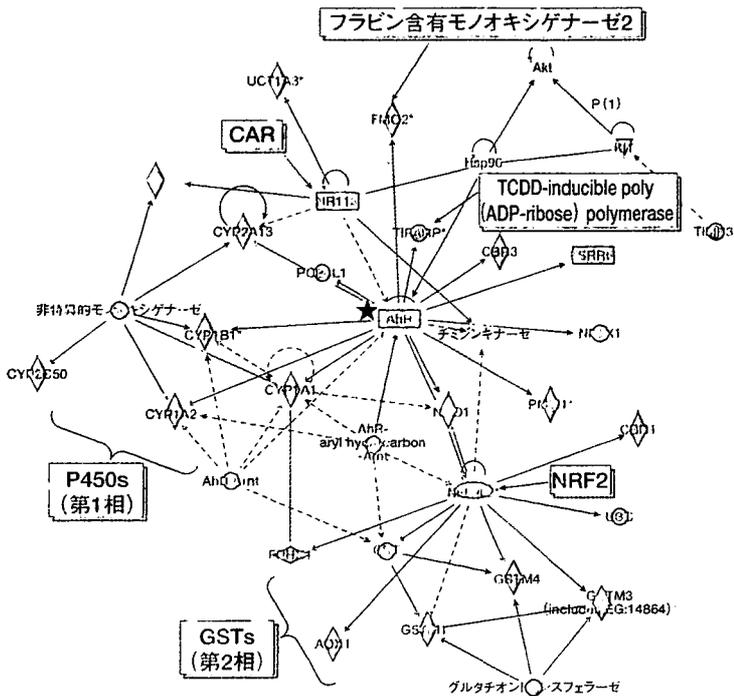


図3. TEF 依存遺伝子の描く Pathway

図1, 2の方法で抽出された TEF 依存遺伝子約 140 を Ingenuity Pathways Analysis 5.5 (Ingenuity Systems, Inc.) に投入し、得られる Pathway の代表的なものを示す。AhR (★) を中心に NRF2 を含む転写因子群を介して、第 1 相および第 2 相の代謝酵素を含む AhR 依存的な遺伝子を認める。
 赤色；計算に投入した TEF 依存遺伝子のうち、この Pathway に含まれるもの。
 灰色；Pathway のメンバーとしてソフトウェアが拾ったもの。

III. Percellome Project

マウス肝を中心とした約 90 化合物 (毒性学的情報の豊富なもの) の単回暴露による初期応答遺伝子データベースを構築するとともに、シックハウス症候群^{注1}を考慮した低用量域での吸入トキシコゲノミクス、発生毒性についての胎児トキシコゲノミクス、また *in situ* ハイブリダイゼーションによる局在確認系を立ち上げた。現在、これらに加えて反復暴露による慢性毒性、および多臓器間の関連性を検討する研究を展開中である。データの一部はホームページ (<http://toxicomics.nihs.go.jp/db/>) にて公開中であり、今後、内容を拡充する予定である。

ここで、本プロジェクトにより明らかとなった一般的な注意点について簡単に触れる。それは、再現性の高いデータを得るためには実験管理を厳重にする必要があるという点である。マウス肝で有意に発現する 12,000 (いずれかの時点で 3 コピー / 細胞以上) の遺伝子のうち、概日変動を示す遺

伝子が 3,600 以上あり、最大で数十倍以上の発現差が見られる。この変動が実験の邪魔をしないようにするためには、動物飼育施設の明暗サイクルを 2 週間以上一定に保ちマウスの概日リズムを安定化し、そのうえで、マウスに検体を投与する時刻、およびサンプルを採取する時刻を ±30 分以内に限定する必要がある。概日リズムは肺、腎、脳、心、胸腺などにも明瞭に存在するので、同様の注意が必要である。培養細胞実験においても細胞密度、培地交換、シャーレのインキュベーター内の位置、倒立顕微鏡での観察の影響 (操作による培地攪拌による刺激)、多穴プレートでは辺縁と中央の違いなどが、遺伝子発現データに大きく影響することを観察している。

IV. Percellome を活かしたデータ解析

Percellome 法の絶対量データの特徴は、原点 (zero) から表示可能なコピー数という“名数”である点にある。基底発現量がわかる、データの四則演算が可能であり、例えば処置群から溶媒対照群の値を引くことで概日リズムや溶媒による影響を容易に取り除くことができる、などの利点が多い。これらは発現比を用いた解析では問題となる操作であるが、Percellome 法であれば自然な処理が可能である。さらに、この性質を利用し、用量と時間が発現変動を規定するとの前提に基づき、用量・時間・発現値を三次元直行座標に置いた 1 つの三次元グラフに反応曲面 (Surface と呼称) として可視化して、直感的なデータの把握を実現している。1 つの化合物について GeneChip のプローブセット数に対応する約 45,000 枚の Surface が描出される。この中から生物学的に有意であると考えられるパターンを含む特徴的な発現パターンを効率的に自動的に抽出する RSort (Surface の凹凸の特徴を解析し、その明瞭さの順にソートする) アルゴリズムを考案、活用している。また、別途に独自開発した教師無シクラスタリングアルゴリズム (MADIC⁴) を活用して、発現パターンが類似しているものを網羅的にクラスター化している。2 枚の Surface の形の類似性を数値化するアルゴリズム (tmf) も開発済みであり、注目すべき遺伝子の発現パターンを鑄型として同様の発現誘導パターンを呈する遺伝子を自動抽出できるようになっている⁵⁾。

V. TCDD と TCDF の Percellome 比較による TEF 依存遺伝子および非依存遺伝子の解析アプローチ

ここでは解析例として、TCDD (2,3,7,8-tetrachlorodibenzo-p-dioxin) と TCDF (2,3,7,8-tetrachlorodibenzofuran) の遺伝子発現応答データを比較し TEF (toxicity equivalence

注1 住宅の高気密化や化学物質を放散する建材・内装材の使用などにより、新築・改築後の住宅やビルにおいて、化学物質による室内空気汚染などにより、居住者に生じる様々な健康障害の総称。

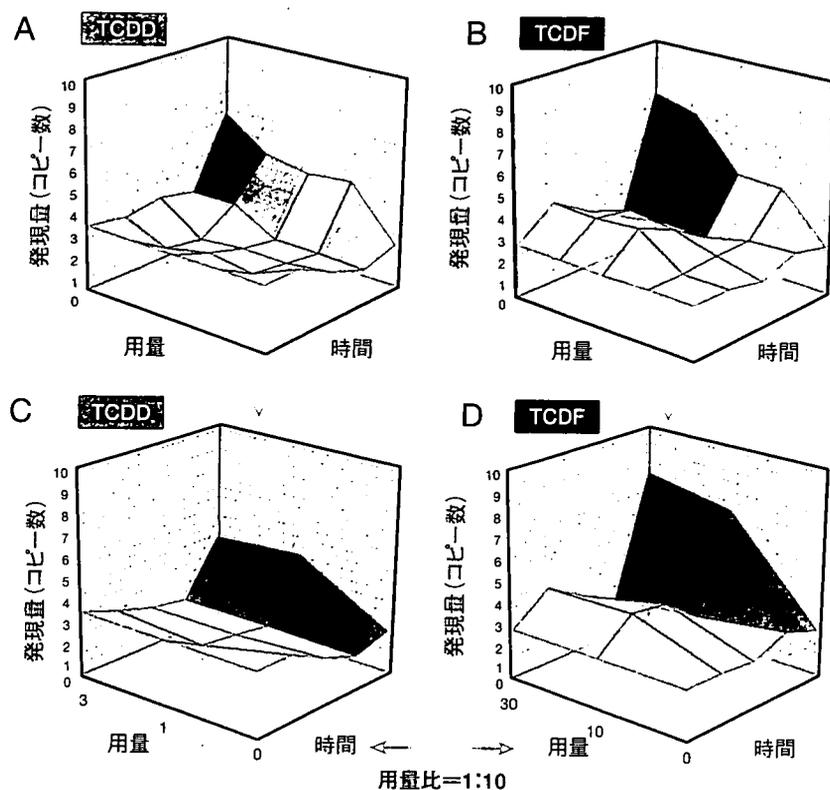


図4. TEF 非依存遺伝子

TEF に従わない遺伝子の一例として、Hectd2 (HECT domain containing 2, 1433944_at) の Surface を示す。A, B, C, D は図1と同様の表示。2時間目の応答の違いのほか、24時間目の応答が TCFD > TCDD である。

factor)⁶⁾に従う遺伝子と従わない遺伝子を検討した事例を紹介する。

ダイオキシン類, すなわちダイオキシン, ジベンゾフラン, およびコプラナー-PCB は, そのいずれにもベンゼン環に結合する塩素の数の違う異性体や同族体が多数あり, 個々はそれぞれダイオキシンとしての生物活性の強さ, 例えば *in vitro* 実験系で Cypl1 の発現を誘導する能力に違いがある。他方, 環境中では, これらダイオキシン類の同族体などを様々な比率で含む混合物として検出されることから, その生物影響の総体強度を推定するために, 個々の同族体の活性を合計して評価が行われている。その際の強度の単位に TEF が用いられる。TEF は最も活性が強い 2,3,7,8-TCDD を 1 とし, 2,3,7,8-TCDF は 0.1, 1,2,3,7,8-pentachlorodibenzofuran は 0.05, などとして表す。なお, TEF の値は, ほぼ, AhR 結合能に比例していることが経験的に知られている。

ダイオキシン毒性は, 受容体原性毒性の典型であり, その説明には “AhR ノックアウトマウスがダイオキシン投与に対し事実上無反応” であることが用いられる。すなわち, このノックアウトマウスでは, 体中に広がった TCDD はそこにある酵素や膜などの生体分子に対して何の影響も与えないということを示している。野生型のマウスが TCDD で死ぬのは AhR が存在するからであり, 言い換えれば, AhR からの異常なシグナルによるという

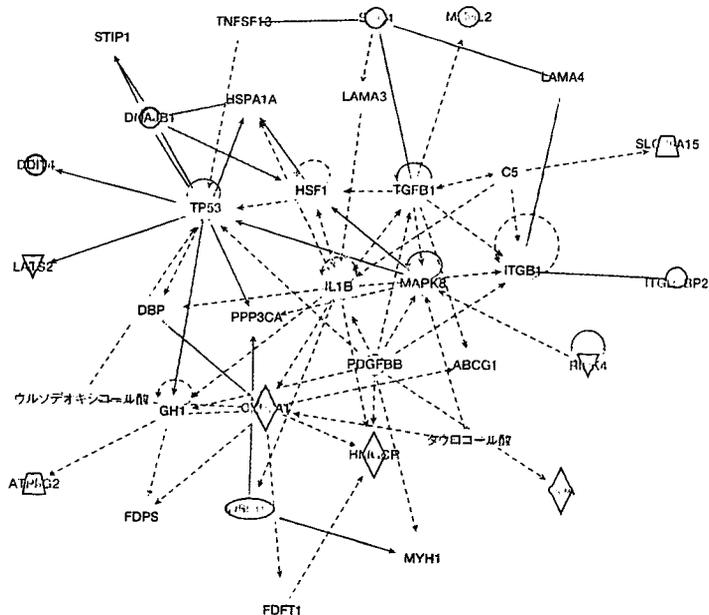


図5: TEF 非依存遺伝子の描く Pathway

図1の方法を利用し抽出された TEF 非依存遺伝子約 20 を Ingenuity Pathways Analysis 5.5 (Ingenuity Systems, Inc.) に投入し, 得られる Pathway の代表的なものを示す。AhR は含まれず, p53, TGF-β, MAPK8 などが見られる。赤色; 計算に投入した TEF 非依存遺伝子のうち, この Pathway に含まれるもの。灰色; Pathway のメンバーとしてソフトウェアが拾ったもの。

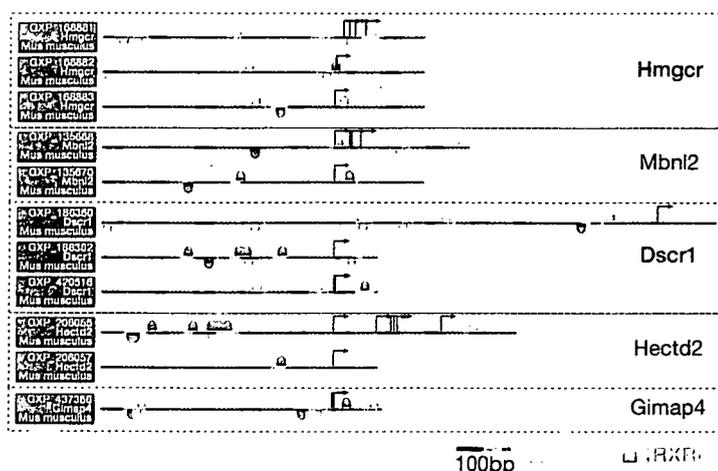


図6：TEF非依存遺伝子の *in silico* プロモーター解析

TEF非依存遺伝子約20のうち、TCDF優位の5遺伝子を絞り込み、Genomatix Software GmbHの提供する *in silico* プロモーター解析の結果を示す。5つの遺伝子に共通して、ETSファミリーとRXRファミリーの転写因子の結合配列を認めた。Hmgcr；3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme A reductase, Mbnl2；muscleblind-like 2, Dscr1；Down syndrome critical region homolog 1 (human), Hectd2；HECT domain containing 2, Gimap4；GTPase, IMAP family member 4.

ことになる。この際の毒性も概してTEFに従うことが知られており、TCDDの1に対してTCDFの10が同等の影響を及ぼす。しかし、リガンド分子個有の作用には受容体毒性学上、興味があるところであり、培養細胞に対する影響を検討した際にこの値が逆転する場合があることを見いだしたことから、TCDF特有の作用がある可能性をマウス肝において遺伝子発現レベルで検討することとした。

TCDDとTCDFについて、以下のような同一プロトコールを用いての実験を行った。12週齢雄C57BL/6マウスの1群3匹、20群を用意し、0, 1, 3, 10, および30 μ g/kgの用量で単回強制経口投与後、2, 4, 8, および24時間後に肝を採取し、Affymetrix GeneChip, MOE430 2.0によりPerccellome遺伝子発現データを得た。2時間目の反応を見やすくするために、仮想0時間に2時間溶媒対照群の値を流用し、用量軸5点、時間軸5点から成る5×5の三次元Surfaceを作製した。さらに、TCDD = 1, TCDF = 0.1というTEF値に従った反応を示す遺伝子を抽出するために、TCDDの0, 1, 3 μ g/kg群から成る3×5のSurfaceとTCDFの0, 10, 30 μ g/kg群から成る3×5のSurfaceを用意した。そして、この3×5のSurface同士について、上述のtmfアルゴリズムにより類似度を計算し、類似性の十分に高い遺伝子のリストを得た。次にコピー数が同等であるか、反応が投与依存的変動として生物学的蓋然性があるかを3×5および5×5のSurfaceにより確認し、TEFに忠実に従うTEF依存遺伝子(図1, 2)を約140、従わないTEF非依存遺伝子を約20得た。TEFに従うと判定

された遺伝子群を、Ingenuity Pathway Analysis (Ingenuity Systems, Inc.)により既知情報と照合するとAhRの下流の第1相代謝酵素やNrf2下流の第2相代謝酵素を中心に、AhRを中心としたPathwayの構成要員であることが示され(図3)、上述したTEFについて現在想定されている分子背景に合致するものであった。従わない遺伝子についても、5×5のSurface同士を比較し、TCDDとTCDFで反応のパターンが異なるもの、および類似していてもTEF値の10倍差を説明できないもの、すなわち、TCDFが同等あるいはより強い反応を示すものを抽出した(図4)。TEF非依存遺伝子群は既知情報との照合で予想どおりAhRを含まないPathwayを描き出した(図5)。*In silico*プロモーター解析ソフトウェア(Genomatix Software GmbH)に甘い条件で遺伝子リストを投入した結果、すべてに共通するものとして多数のエレメント、例えば、E2F, EKL, ETS, HES, NR2, RXR, SP1, TBPなどのファミリーが見いだされたが、AhR結合配列は抽出されなかった。さらに、非依存遺伝子のうちTCDF優位の5遺伝子を絞り込みパスウェイ解析を行った結果、TNFを中心とし、ESR1やABCA1を含むネットワークが描かれ、*in silico*プロモーター解析では5遺伝子に共通するものとしてETSファミリーとRXRファミリーの結合部位が選択された(図6)。ETSはERK/MAPKシグナル系の下流に位置し、その1つであるETS2の強制発現系の実験などからp53系を介する胸腺系のアポトーシス、あるいはダウン症候群との関連性などが指摘される。これらの既知情報ベースの解析結果は限られた共通の公開情報源を基にしているため、概して同じリストに収束する。しかし、得られたリストのうち、この検索に投入しなかった遺伝子(図5中の灰色)について、再度Surfaceを吟味すると選定基準ぎりぎりでは排除されていた遺伝子が見つかる。ここでは、図5中のTgfb1 (transforming growth factor beta 1), Hspala (heat shock protein 1A), およびFdft1 (farnesyl diphosphate farnesyl transferase 1)が該当する。このような既知情報と実際のデータとの往復が、データ解釈の向上と今後の検証実験の計画立案に役立つものと見込まれる。

おわりに

このTCDDとTCDFの実験結果の比較によるダイオキシン類化合物の生体影響に関わる分子メカニズム解析はまだまだ途上にあり、追加としてAhRノックアウトマウスを用いた投与実験やChIP(クロマチン免疫沈降)解析などによる確認作業が考えられる。ここでは、Perccellome Projectの投与実験の組み合わせと、それらに対するPerccellome法の利点を生かした網羅的な解析が、環境化学物質をはじめとする外来性化学

物質 (Xenobiotics) の生体影響に関する分子生物学的メカニズム解明研究のユニークな糸口を提供する手段としても利用可能であることを示すことができたと考える。誌面の都合上、他に譲るが、ヒトに対する催奇形性があり使用禁止となっていたが、癌や難治性炎症性疾患の治療薬として再登場したサリドマイドについて、成獣雄マウスの肺に及ぼす影響と経胎盤的にマウス胎仔に及ぼす影響とを Percellome 解析により対比すると、間葉系成分に対する共通の抑制シグナルの存在が示唆される事例を見いだした。異なったプロトコールで異なった組織に対して行われた実験の間でも、このように共通のメカニズムを抽出しうる可能性を見ており、今後の複合的展開に大きな期待を抱いているところである。今後、本法の利点を生かした解析をさらに進めるとともに、データ・

解析ツールの公開Webサイトの充実、および、実験のみならずデータ解析・データマイニングについての共同研究を含めた展開を加速させていきたい。

謝辞 本Percellome Projectの遂行にあたっては、当毒性部の全メンバー、特に松田菜恵、辻昌貴、森田紘一、今井あや子、安東朋子、安部麻紀、森山紀子、近藤優子、青柳千百合、相原妃佐子、渡辺忍の各氏の卓越した働きに深謝する。三次元Surface可視化およびそれを用いた解析ツール群のアルゴリズム開発は共筆者の相崎健一主任研究官による。データベース関連、MADIC実装などのIT開発はNTTコムウェア、日本NCR（日本テラデータ）との共同研究に負うところ大である。本研究は厚生労働科学研究費補助金H13-生活-012、H13-生活-013、H14-トキシコ-001、H15-化学-002、H18-化学-一般-001などによる。

— 文献 —

- 1) Kanno J, et al: BMC Genomics (2006) 7: 64
- 2) 菅野 純ら: 細胞工学 (2004) 23: 685-693
- 3) 菅野 純ら: 細胞工学 (2007) 26: 71-77
- 4) Matsumoto S, et al: Genome Informatics (2005) 16: 183-194
- 5) 相崎健一ら: 細胞 (ニュー・サイエンス社), 印刷中
- 6) Van den Berg M, et al: Toxicol Sci (2006) 93: 223-241