

厚生労働科学研究費補助金

地球規模保健課題推進研究事業

化粧品等のQSAR/in silico/インフォマテクス技術等の  
安全性評価応用に関する調査研究  
(H25-地球規模-指定-010)

平成25年度 総括・分担研究報告書

研究代表者 石田 誠一

平成26(2014)年 5月

# 目次

## . 総括研究報告

研究の総括-----P.

石田 誠一

## . 分担研究報告

1. in silico 予測系を iPS 細胞等の実験系に適応していくための

検討課題や問題点の調査-----P.

松永 民秀

2. 毒性評価データベースに関する動向調査-----P.

水口 賢司

## . 添付資料

**厚生労働科学研究費補助金医薬品（地球規模保健課題推進研究事業）  
化粧品等の QSAR/in silico/インフォマテクス技術等の安全性評価応用に関する調査研究**

**平成 25 年度総括研究報告**

**化粧品等の QSAR/in silico/インフォマテクス技術等の  
安全性評価応用に関する調査研究**

研究代表者：石田 誠一（国立医薬品食品衛生研究所薬理部 第三室長）

研究要旨：化粧品等の安全性評価では、動物実験の代替が急がれており、毒性発現の作用機構に基づく評価が求められている。そのため、大量データの処理に必要なインフォマテクス技術、ヒト iPS 細胞由来各種細胞等を利用した新たな試験系との融合により、従来の動物試験では実現できなかったヒトに近い安全性予測モデルの開発が期待されており、欧米では大規模なプロジェクトが開始されている。日本においても、日本発である iPS 細胞を利用した in vitro 試験法の開発や、医薬基盤研 TGP データや MID-NET、MIHARI などのデータベースの活用を通じて、ヒト細胞を利用した毒性評価系とコンピュータが支援する予測系の融合を目指す“計算毒性学”の確立が急務となっている。

キーワード：計算毒性学、iPS 細胞由来臓器様細胞、in vitro 毒性評価、動物実験代替法

**研究分担者・所属研究機関・職名**

松永 民秀

名古屋市立大学大学院薬学研究科 教授

水口 賢司

(独) 医薬基盤研究所 プロジェクトリーダー

**A. 研究目的**

医薬品等の安全性評価では、2013年3月11日から執行された欧州における化粧品原料に対する動物実験の全面禁止に見られるように、動物実験の代替が急がれている。また、近年は、毒性発現の作用機構に基づく評価が求められている。そのため、培養細胞を用いた in vitro での評価系の開発が盛んにおこなわれるようになってきた。

オミクス技術の進展に伴い in vitro 試験法でも大量のデータに基づき評価が行われ

ている。さらに、近年進歩が著しい細胞の毒性評価手法であるハイコンテアナリシスは複数の細胞機能に基づく活性指標を大量に収集し、細胞障害を評価する。大量データの処理に必要なインフォマテクス技術、ヒト iPS 細胞由来各種細胞等を利用した新たな試験系との融合により、従来の動物試験では実現できなかったヒトに近い安全性予測モデルの開発が期待されており、欧米では大規模なプロジェクトが始まりつつある (EU の SEURAT、米国の Tox21 等)。

本研究では、化粧品国際的規制調和活動の場での日本のリーディングのために必要な行政的提案を行うため、QSAR/インフォマテクス技術などを活用した in silico 解析技術、及びヒト iPS 細胞由来各種細胞等を利用した新たな試験系との融合による安全性評

価の国内外の最新の動向を収集し、安全性予測のヒトへの外挿性や正確性の向上の可能性を明らかにすることを目的とする。

## B. 研究方法

動物実験に代わる代替法の開発は途上にあり、*in vitro* でリスクを定量的に評価できる試験法は確立していない。投与された化合物の生体反応は、肝臓での代謝等の体内動態に大きく影響されること、肝臓の機能等には種差があることや生体から調製した肝細胞等は急速に機能を消失することが知られていることから、iPS細胞に由来する肝細胞等の活用が期待されている。一方、オミクス解析やハイコンテンツアナリシスの開発の進展により、*in vitro* 試験法は大量のデータを扱うようになってきており、*in silico* 解析技術の支援が不可欠となってきている。このような状況より、本研究では安全性評価に *in silico* 評価法が如何に貢献できるかを検討対象とした。

まず、細胞が持つ多種多機能な細胞活性を考慮し、既存の培養細胞や幹細胞から分化させた細胞を *in vitro* 試験法に使用した際の特質や機能を整理した。ついで、現在ハイスループット化がすすんでいる細胞応答データの収集プラットフォーム(例えばオミクス解析やハイコンテンツアナリシスによる化学物質毒性評価)において、どの程度の規模でデータを収集することが可能かを検討した。

現在国内外で整備され始めている QSAR/*in silico*/インフォマテクス技術を応用した薬物動態予測システムや毒性予測システムの情報収集を行い、*in silico* 解析技術による *in vitro* 試験法支援を行うための指針を提示し、今後収集整備すべき体内

動態及び毒性情報について検討した。

## C. D. 研究結果並びに考察

### (1) 生命科学の安全性評価への貢献

生命科学はこれまでもいろいろな形で医薬品や化学物質の安全性評価において貢献をしてきた(図1)。1990年代に多用されるようになった、コンピュータモデリングによる構造活性相関や、2000年代になり網羅的遺伝子発現解析の発展などで可能になった(統合)オミクスなどが例として挙げられる。近年では、2007年に山中らにより発表された、ヒトでの細胞の初期化技術すなわち iPS 細胞を用いたヒト臓器細胞様分化誘導細胞の提供もその一つである。

オミクスによる安全性の評価として、研究代表者らによるレチノイドをモデルとした遺伝子発現による活性と毒性の予測系の構築の例を図2に示す(Ishida et al. 2003)。ビタミンA酸の類縁体であるレチノイドは、核内受容体 RAR 並びに RXR からなるヘテロ受容体との結合により遺伝子発現の調節が起こり、生理作用が惹起される。その際の核内受容体への結合性により、レチノイドとレチノイドシナージストの二種に分類され、レチノイドは RAR に結合することで単体でもレチノイド活性を発揮するが、レチノイドシナージストと共存するとその作用が増強される。逆に、レチノイドシナージストは RXR を結合受容体としており、レチノイドシナージストと RXR が結合しただけでは生理活性が発揮されないが、ヘテロ受容体の相手である RAR がレチノイドに結合した際の作用を増強するように働いている。レチノイドにより分化誘導することが知られているヒト骨髄性白血病細胞 HL-60 細胞に天然の

レチノイドである all-trans レチノイン酸、9-cis レチノイン酸を暴露した際に得られた遺伝子発現パターンをもとに、合成レチノイド 2 種とレチノイドシナージスト 3 種を組み合わせ暴露した際に得られた遺伝子発現パターンから、それぞれの化合物の分類を行った。その結果、大きく 3 種のクラスに分かれることが判明し、更にそのクラス間で応答性の異なる遺伝子群を抽出すると、細胞周期にかかわるものとアポトーシスに係わる複数の遺伝子で発現に差異があることが見いだされた。その発現パターンの違いにより、合成レチノイド単体ではアポトーシスの誘導が少なく、天然のビタミン A 酸である all-trans レチノイン酸に似た活性と細胞毒性が予測され、合成レチノイドとレチノイドシナージストを併用した際には、9-cis レチノイン酸に似た活性と細胞毒性が予測された。レチノイドシナージスト単体では、いずれの天然ビタミン A 酸の作用も発現しないことが予測された。この解析は、化合物群の網羅的遺伝子発現解析を行い、発現パターンによる化合物のクラス分けから、化合物の持つ生理活性や毒性を予測できることを示すものである。

近年では、遺伝子発現などのオミクス解析と並び、ハイコンテンツアナリシスと呼ばれる解析手法が注目を集めるようになってきている。これは、膜電位感受性の色素などとイメージングサイトメトリ と呼ばれる観察手法を組み合わせることで、効率よく細胞の化合物への影響を観察し数値化するものである（図 3）。イメージングサイトメトリ - は、細胞像を取得後、画像処理により、細胞一つ一つを画像上で識別し、各細胞での観察パラメータを数値化し、集団で解析する手法である。従来も、浮遊

細胞ではフローサイトメトリ - として多用されてきているが、本手法は画像解析技術と組み合わせることで、フローサイトメトリ - では困難であった接着性の細胞における細胞応答を 1 細胞レベルで観察できるように開発された。その結果、化学物質等の暴露による細胞障害性の指標として汎用されてきた、細胞膜透過性、ミトコンドリア膜電位、活性酸素産生素量、グルタチオン量などを単回の観察で測定数値化することが可能となった。本手法を用いることで、オミクス解析が対象としていた遺伝子（ゲノミクス）、タンパク（プロテオミクス）、代謝基質（メタボロミクス）のような、分子レベルでの化学物質等の作用ではなく、細胞オルガネラレベルでの作用を 1 細胞単位に複数の測定パラメータで数値化し評価する手法が確立されつつあり、新しい化合物評価手法として注目されている。既に肝障害性での比較的大規模な報文（O'Brien et al. 2006, 2010）も報告されており、また、欧米では大規模なデータ取得とデータベース化が進行している。

## (2) iPS 細胞

山中らにより開発された多能性幹細胞：iPS 細胞の毒性評価への応用可能性に関しては研究分担者の松永の報告に詳しく述べられているが、研究代表らも市販の iPS 細胞由来肝細胞に関する評価を進めており、昨年度比べ、今年度は品質に改良が加わり、実用化に向けて進歩していることが窺われた。昨年度と今年度の比較の結果を図 4 に示す。現在日本で入手可能な 3 種の iPS 細胞由来肝細胞に関して、薬物代謝酵素の発現並びに誘導剤を用いた発現誘導能、また、化学物質暴露による毒性発現を比較検討した。比較対象としては、現在比較的多用されるようになってきたヒ

ト肝培養細胞 HepaRG を用いた。昨年度の検討（図 4 左カラム）では、HepaRG 細胞と比べ薬物代謝酵素の一つである CYP3A4 遺伝子の発現は 2 ケタ以上低く、リファンピシンによる誘導性も認められなかった。また、複数ロットを用い、アセトアミノフェンによる毒性発現を検討したが、ロットによっては毒性が観察されないなど、再現性に乏しかった。それに対し、本年度の検討（図 4 右カラム）では、CYP3A4 遺伝子の発現で、HepaRG 細胞と比肩できる発現を示す iPS 細胞由来肝細胞が認められ、また、リファンピシンによる酵素誘導も活性の絶対値は低いながらも 3~9 倍程度認められ、肝細胞としての機能の成熟化が認められた。また、アセトアミノフェンに対する毒性発現も検討した 3 社の iPS 細胞由来肝細胞で HepaRG 細胞とほぼ同程度の用量 作用曲線を与えており、再現性の向上が認められた。

### (3) 計算毒性学

iPS 細胞からの臓器細胞の提供は従来では入手不可能であったヒト臓器細胞様の細胞を用いた試験系が構築できる期待がある。一方で、肝臓に対する *in vitro* 毒性評価は、現在はヒト初代培養が比較的安定して入手可能なため、初代培養による手法が行われており、iPS 細胞由来肝細胞の結果もそれとの比較検討が可能であり、また、その活性は十分とは言い難い。

そこで、(1)で述べたオミクス解析やハイコンテンツアナリシスと iPS 細胞由来細胞を組み合わせた安全性評価系の構築が提唱されている。オミクス解析やハイコンテンツアナリシスにより導き出される大量のデータをもとに、情報解析技術を用いて生物活性や安全性評価を進める手法はバイオインフォマティクスと呼ばれて

いる。データ解析とその結果のデータベース化については、研究分担者の水口の報告に論じられている。研究代表者は iPS 細胞由来細胞やその周辺技術としての培養技術、複数臓器細胞の共培養系（“body-on-chip”など）、コンピュータシミュレーション又は線虫のようなモデル動物の結果をバイオインフォマティクスにより統合する手法として、“計算毒性学”という領域を創設することで、より精度よくヒトにおける医薬品や化学物質の安全性を外装し予測することが可能となると考えている（図 5）。本手法は、動物実験を *in vitro* 試験に代替することも主眼としているため、動物実験代替法としての意義も大きいと考える。

### (4) コンピュータシミュレーション

細胞活動の様々な分子レベルでの情報の取得が可能となってきたり、それらのデータを定量モデルにより統合したコンピュータシミュレーションにより、細胞機能の再構成が盛んに試みられている。その中でも、電気生理学のシミュレーションは以前より盛んに研究されてきており、心筋細胞ではイオンチャンネルやイオンポンプを組み合わせたモデルが提唱されている（図 6）。このようなモデルを用いると心筋における膜電位の変化等をコンピュータ上で再現できるだけでなく、病態時のパラメータを用いることで、病態の再現も可能となっている（図 7）（シミュレーション，Vol. 26, No. 3, pp.3-8, 2007）。

ヒト心筋は初代培養細胞の入手がほぼ不可能なため、ヒト iPS 細胞から分化誘導された心筋を用いた心毒性評価系の構築が期待されている。現在はカリウムチャンネルのみを強制発現させた hERG 試験による QT 延長症候群の予測が *in vitro* 試験

として行われているが、ヒト iPS 細胞由来心筋を用いることでより正確に催不整脈の評価が可能となる可能性がある。しかしながら、心筋の場合も iPS 細胞から分化誘導したものは幼若性が問題となっている。そこで、ヒト iPS 細胞由来心筋により得た測定値を図 6 のようなシミュレーションモデルに還元し、各イオンチャンネルの発現量等を補正し、幼若性の問題を解決する試みがなされており、iPS 細胞技術とコンピュータシミュレーション技術の融合により、強力な評価系の構築に期待がかかっている。

肝臓に関しても、このようなシミュレーションによる肝代謝、肝機能の再構成を試みるプロジェクトが既にスタートしている(米国: The Virtual Liver Project (v-Liver); [http://www.epa.gov/ncct/virtual\\_liver/](http://www.epa.gov/ncct/virtual_liver/), 欧州: Virtual Liver Network, <http://www.virtual-liver.de/wordpress/en/>)。

### (5) 欧米の動向

欧米においては、動物実験代替法を巡り、化学物質の *in vitro* 評価系の開発が大規模プロジェクトとして進んでいる。特に EU では、EU 化粧品指令(第 7 次改正)により 2013 年 3 月 11 日以降、EU 域外を含め動物実験による安全性評価がなされた化粧品製品や原料を配合した製品の EU 域内での販売が全面禁止となったため、*in vitro* 代替試験法の開発は喫緊の課題である(図 8)。

米国におけるプロジェクトの進行状況について、National Institute of Environmental Health Sciences (NIEHS) の Dr. Raymond Tice と情報交換をする機会があったので、得られた情報を以下にまとめた(公益財団法人食品農医薬品安全性評価センター第 21 回学術講演会)。また、情報

のもととなった発表原稿については、Dr. Tice の許諾のもと、本報告書の後半に掲載した。

米国では毒性が懸念される化学物質が EPA (the U.S. Environmental Protection Agency) だけでも 9,000 種以上にのぼり、それらを従来の実験動物による毒性試験だけで毒性把握をするのは対応しきれない、という点から、より効率の良い(ハイスループット)試験法として、ヒト細胞またはヒト細胞株ベースの *in vitro* 試験法の開発が始まった (Tox21, <http://www.ncats.nih.gov/research/reengineering/tox21/tox21.html>)。Tox21 では、開発した *in vitro* 試験法により、9,000 種以上の化学物質の毒性評価の優先順位を付けるのが一つの目標となっている。それを実現するための基礎は、“有害事象は物理的、化学定期作用因子と細胞の毒性パスウェイとの相互作用により惹起される”という概念に基づいた化学物質の毒性の理解にある。Tox21 には、FDA (米国食品医薬品局)、NICGC/NICATS (NIH Chemical Genomics Center/米国立先進トランスレショナル科学センター)、EPA/NCNT (米国環境保護庁/米国立コンピューショナルトキシコロジーセンター)、NIEHS/NTP (米国立環境健康科学研究所/米国毒性プログラム)が参加している。既に第 1 期(2005-2010)が終了し、定量的ハイスループットスクリーニングの有用性の実証がなされ、ヒトや標準的な毒性試験データとの突き合わせや肝代謝活性化の取り扱いなどの問題点についての議論がされた。それを踏まえ、現在第 2 期(2011-2014)が進行しており、参加 4 機関から提案された 10,000 化合物 (Tox21 10K compound library) の評価を進めてい

る。第2期は本年2014年中頃に終了予定であるが、2013年より第3期がスタートしている。ここでは、より生理学的に合理的な *in vitro* 又は下等動物によるモデルを作ること、生体異物の代謝系を組み込むこと、長期暴露モデルを組み込むこと、*in silico* モデルを活用することなどが盛り込まれている。それらは、例えば、ADMET Predictor という *in silico* 代謝予測モデルや BioPlanet と呼ばれる統合パスウェイデータベースなどの開発がある。また、下等動物としては、線虫やゼブラフィッシュを対象としており、一方で、ヒト幹細胞の利用についての検討も開始されている。第3期の目標は

- ・ より広いパスウェイを取り入れる。
- ・ ヒト正常細胞を用いたハイコンテンツアナリシスの作成に注力する。
- ・ 単一化合物だけでなく混合物の評価を進める。
- ・ 生体異物の代謝評価を高める。
- ・ より複雑な生物システムに取り組む。
- ・ より広範な暴露経路を想定し評価する。
- ・ ビックデータ解析を取り込む。

を挙げている。

Tox21 の成果としては、科学的な適性を持った効率の良い毒性評価が作られ、それにより、大量の未評価化学物質の評価が進むこと、また、それらが毒性発現の分子機構により解析されるようになること、*in vitro* の系の正確性の向上により動物実験の代替が進むことを挙げている。

#### (6) 日本国内の動向

本研究班による調査研究開始に先立ち、CBI 学会（情報計算科学生物学会）2013年大会において、日本動物実験代替法学会協賛のもと”*in vitro* 試験と代替法をつなぐ

計算毒性学の立ち上げ”というタイトルにて、シンポジウムを行った。プログラムを巻末に掲載する。本シンポジウムでは、*in silico* の予測系に関する概説といわゆる *wet* な実験系からの試験結果との融合をする際の問題点を（株）インシリコデータの湯田氏から提案していただき、有害性未知の化学物質の反復投与毒性を類似物質の試験データより推定する HESS(有害性評価支援システム統合プラットフォーム) について、NITE((独)製品評価技術機構) 櫻谷博士より報告していただいた。また、これまでの化学物質の評価結果が掲載されている毒性試験データベースを活用し、化学物質の毒性発現機序の解明や毒性予測を目指す取り組みを東北大学吉成博士より紹介していただいた。

本シンポジウムに発表内容に関しては、各演者の許諾のもと、本報告書の後半に掲載した。

日本国内でも、上記シンポジウムにあるような取り組みが進んでいるが、欧米での大型プロジェクトの進行状況と比較すると、非常な遅れを取っていることは否めない。簡単な試みとして、”computational toxicology”をキーワードとしてインターネット検索をすると約 72,100 件（2014年3月）のヒットがあるが、“計算毒性学”で検索をするとわずか 240 件のヒットしかない。欧米では、さまざまな研究機関で Center for Computational Toxicology のような研究センターが設立されているが、国内ではまだそのような事例はないのが現状である。

一方、肝毒性のような毒性事例においてはヒトレベルでの情報収集が最終的には必要となるが、薬物性肝障害に関しては例えば PMDA で進んでいる MIHARI プロジ

エクトや厚生労働省主導のMID-NETプロジェクトのような、副作用情報の大規模収集プロジェクトが進んでいる。このようなプロジェクトでの知見と *in vitro* 試験系での知見を統合していくことで、日本国内でも欧米とは異なった視点から（Top-down：ヒト疫学データから *in vitro* データの解釈）効率の良い毒性評価手法とデータベースの構築が可能となると考える（図9）。

このような状況を背景に、2014年3月にCBI学会内に「計算毒性学」研究会が設立された（図10）。“研究分野や研究内容の異なる研究者が「計算毒性学」という新しい研究に関して忌憚なく討論し、国内や国外の情報を交換しあえる共通のサロンとしての役割を担うことを主たる目的”（[http://cbi-society.org/home/documents/seminar/2013to16/20140808\\_dogo.html](http://cbi-society.org/home/documents/seminar/2013to16/20140808_dogo.html)）としており、今後国内の拠点として発展することが期待されている。

## E. 結論

化粧品国際的規制調和活動の場での日本のリーディングのために必要な行政的提案を行うため、QSAR/インフォマテクス技術などを活用した *in silico* 解析技術、及びヒトiPS細胞由来各種細胞等を利用した新たな試験系との融合による安全性評価の国内外の最新の動向を収集し、安全性予測のヒトへの外挿性や正確性の向上の可能性を明らかにすることを目的とし、本研究を実施した。

ゲノミクスに代表されるいわゆるオミクス解析や、細胞のオルガネラレベルでの応答性を数値化するハイコンテンツアナリシスにより、生体異物に対する細胞応答の大規模データの取得と毒性予測への応用が開始されており、先行研究が報告されている。従来は、こ

のような研究には、樹立培養細胞株が用いられてきたが、山中らによるiPS細胞の開発により、ヒト初代培養に近い各種臓器細胞の利用が期待されている。iPS細胞からの臓器細胞の供給に関して、主に、肝実質細胞と小腸の腸管上皮細胞の分化誘導系について検討を加えたが、成人の初代培養細胞と比較して、いずれも細胞の成熟度に問題があるのが現状であった。しかしながら、肝実質細胞に関しては、昨年度に実施された市販細胞の機能評価と比べて、本年度は機能の向上が認められており、今後の開発、供給体制の整備が進むことが望まれた。

医薬品等への肝細胞の毒性応答に関しては医薬基盤研TGPデータ（Open TG-GATEsおよびToxygates）が既に世界的に見ても、質量とも十分なデータベースとして整備されており、今後その活用を推し進める必要がある。また、iPS細胞からのヒト組織様細胞の供給が可能になると、“ヒト”への外挿性の高いデータベースの構築が可能となると考えられる。また、心筋におけるシミュレーションモデルの例にあるように、他の臓器（例えば肝臓）でも、コンピュータによる細胞機能のシミュレーションと *in vitro* 試験系を組み合わせることでより高次のヒトでの毒性予測（“計算毒性学”）が可能になると考えらる。

欧米では、既にそのような方向での大規模なプロジェクトが進行中である（EU:SEURAT、米国:Tox21）。EUはEU化粧品指令への対応を基本とした代替法への移行が主たる流れである。一方、米国は毒性の懸念される化学物質の評価を整理して進めるために、生体異物の生体影響を分子機構に基づき推測する手法の確立を目標に据えている。既に、十分な経験と知見が蓄積され始めており、それと比較するに我が国の対応状況の出遅れは否めない。この分野に

において、欧米との積極的な交流を進める必要性があるが、米国 Tox21 の責任者の一人である National Institute of Environmental Health Sciences (NIEHS) の Dr. Raymond Tice も同意見であった。

日本では、医薬品副作用の大規模疫学データベースの構築が厚生労働省主導で進んでおり(MID-NET、MIHARI)、iPS 細胞技術を活用した in vitro 試験系と組み合わせた統合データベースを構築することでヒトレベルでの薬剤性肝障害等の確度の高い予測系の構築が期待できる。

日本における“計算毒性学”の立ち上げが必須の流れと考えられるが、CBI 学会(情報計算科学生物学会)内に「計算毒性学」研究会が設立された。2014 年度にはキックオフミーティングやシンポジウムが企画されており、各方面からの活動の支援が期待される。

## F. 研究発表

### 学会発表

1. 石田誠一: 創薬支援に有用なヒト肝 in vitro/in silico 代謝・輸送予測モデルの提案と薬物動態評価における実証、日本動物実験代替法学会第26回大会(2013, 12, 京都)
2. 湯田浩太郎、石田誠一: hiPSC-肝細胞とインシリコへのデータ融合による安全性予測ノメカニズム解析に向けた考察、ヒト iPS 細胞の創薬プロセスへの応用(2014, 2, 東京)
3. 石田誠一: In vitro 肝毒性評価系の計算毒性学への展開、日本薬学会第 134 年会(2014, 3, 熊本)
4. 奥村 啓樹、鵜飼 茜、佐藤 大介、宮本 智美、三好 一郎、平林 真澄、中村 克徳、松永 民秀: プラストシストインジェクシ

ョンによるラット iPS 細胞由来細胞を持つキメラマウスの作出、日本薬学会第 134 年会(2014, 3, 熊本、30pmL-116S)

5. 小野里 太智、佐藤 大介、小枝 暁子、中村 克徳、松永 民秀: カニクイザル皮膚線維芽細胞からの iPS 細胞の樹立、日本薬学会第 134 年会(2014, 3, 熊本、30pmL-117S)
6. 大手 万里子、佐藤 大介、前田 徹、中村 克徳、松永 民秀: 糖原病 Ib 型患者由来 iPS 細胞を用いた好中球モデルにおける PKC を介した NOX2 活性化機序の解明、日本薬学会第 134 年会(2014, 3, 熊本、30pmL-118S)
7. 水口 賢司: データ統合とネットワーク解析による創薬初期研究の支援、第3回シメックスプロテインカンファレンス(2013-10-18, 品川プリンスホテル)
8. 水口 賢司: データ統合とネットワーク解析による創薬支援、第9回霊長類医科学フォーラム(2013-11-14, 文部科学省研究交流センター)
9. 水口 賢司: 創薬の初期研究におけるデータ統合: ターゲットと安全性の評価、第345回 CBI 学会研究講演会(2014-1-9, 東京大学山上会館大会議室)
10. 水口 賢司: ‘アジュバントゲノミクス’に向けた統合データベースの現状、第7回次世代アジュバント研究会(2014-1-21, 千里ライフサイエンスセンター)
11. 水口 賢司: データベースは、創薬初期でのターゲット評価と安全性の予測に役立つか?、MEDALS 第三回データベース講習会(2014-1-24, 産総研・関西センター)

## G. 知的所有権の取得状況

無し

図 1

## 生命科学の医薬品開発への貢献

(医薬産業政策研究所 リサーチペーパー・シリーズ No.27(2005) より改変)

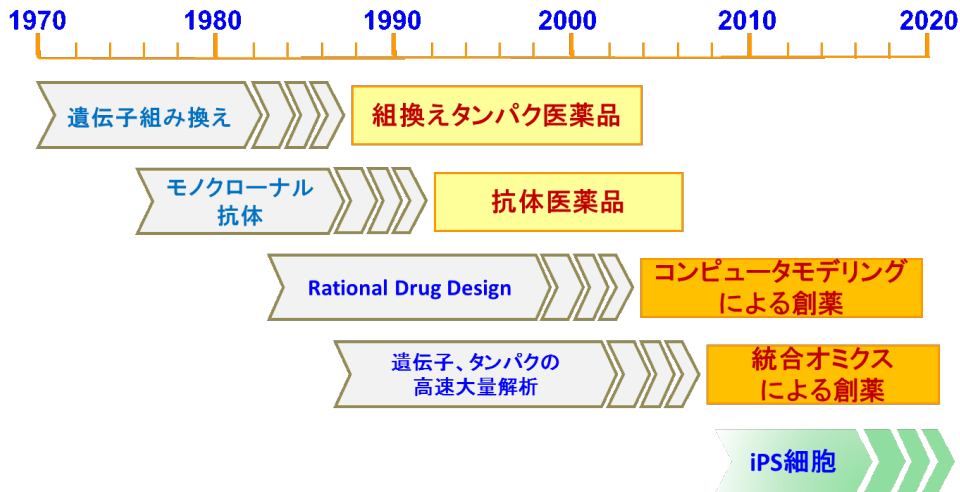
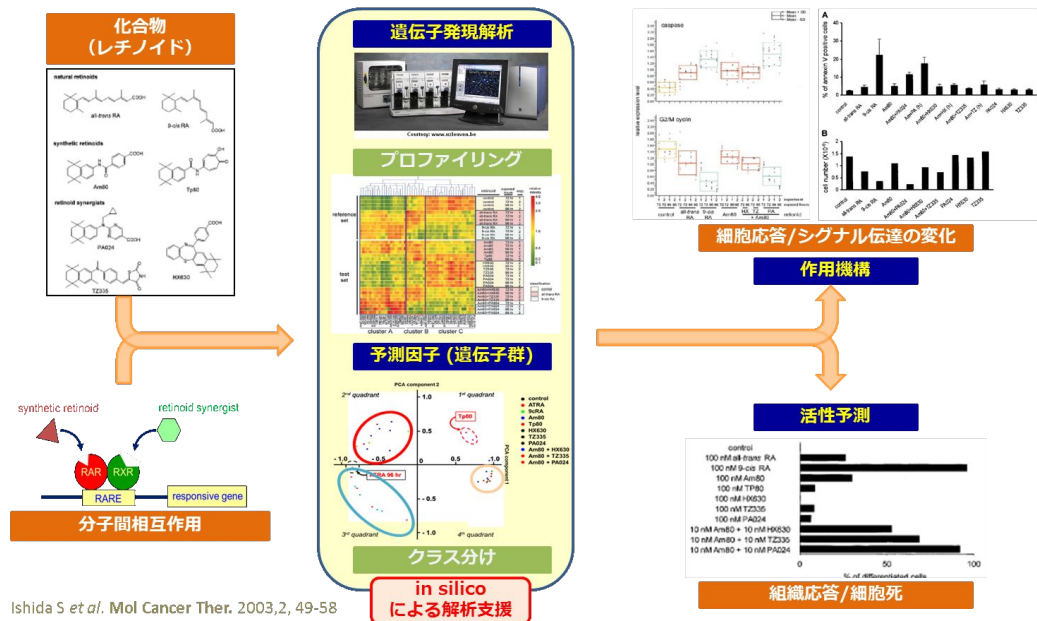


図 2

## 遺伝子発現情報をもとにした活性予測の例



Ishida S *et al.* Mol Cancer Ther. 2003,2, 49-58

図 3

## イメージングサイトメトリーによるハイコンテンツアナリシス

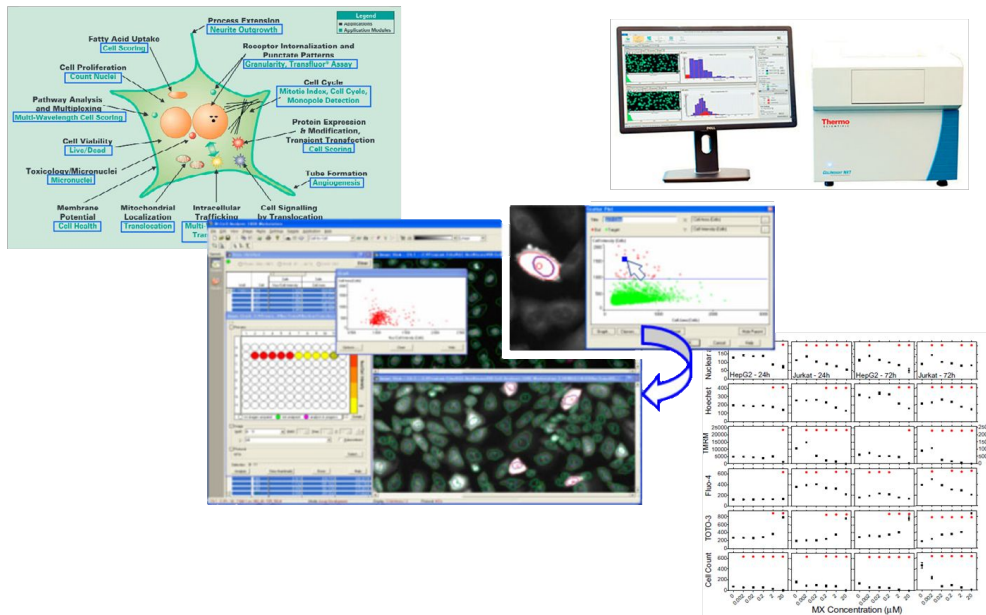


図 4

## ヒトiPS細胞由来肝細胞の機能評価 --- 昨年度との比較 ---

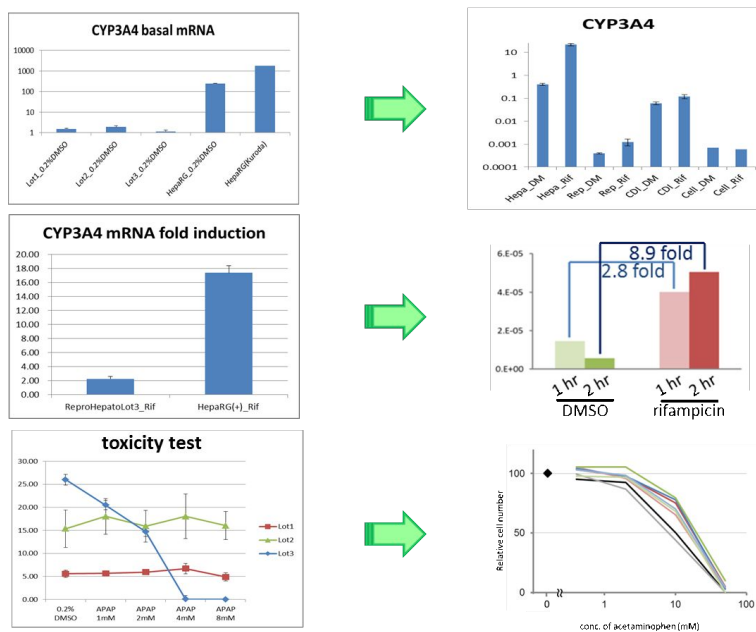


図 5

## インフォマティクスを活用した安全性評価の構築

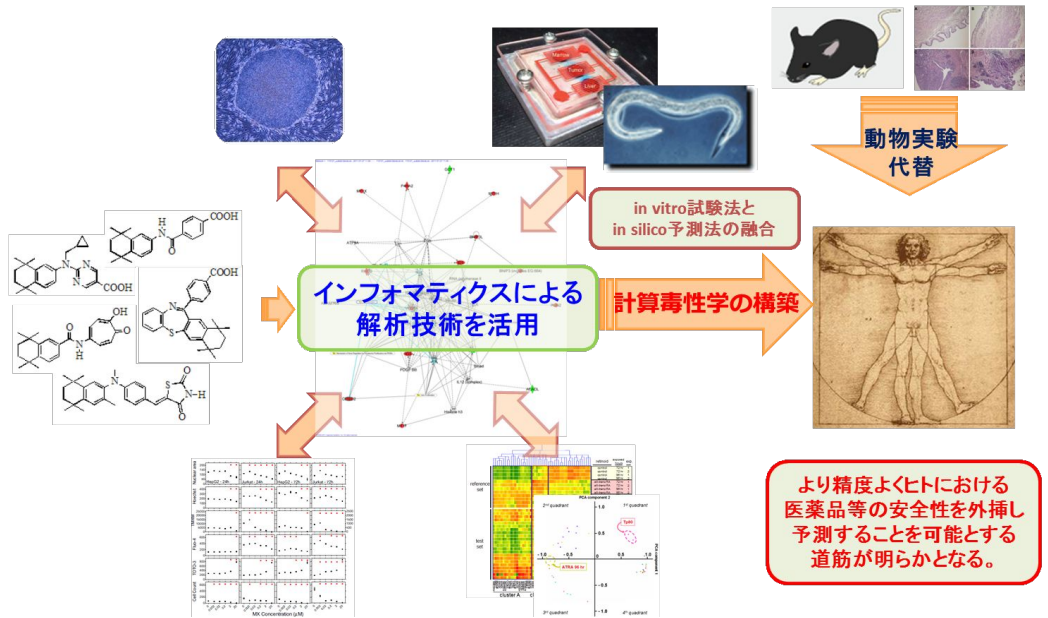




図 8

## 化学物質の毒性評価を巡る欧米の動向

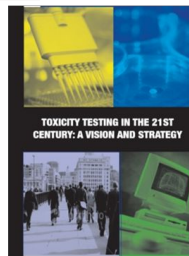
### SEURAT

EU化粧品指令(第7次改正):  
化粧品に関する動物実験の  
禁止を定め、2003年3月に発効

**2013年3月11日以降、EU域外を  
含め動物実験した製品や、同原  
料を配合した製品のEU域内での  
販売の全面禁止。**



### Toxicity Testing in the 21<sup>st</sup> Century



This 2007 National Academy of Science report envisions a **not-so-distant future** in which virtually all routine toxicity testing would be conducted *in vitro* in human cells or cell lines by evaluating **perturbations of cellular responses** in a **suite of toxicity pathway assays** using **high throughput robotic assisted methodologies**.

図 9

## 日本における計算毒性学の現状と安全性予測に向けて

- 例えば  
“計算毒性学”でGoogle検索をすると …………… 約238件  
“computational toxicology”で検索すると… 約72,100件
- 医療情報データベースとin vitro試験系の融合

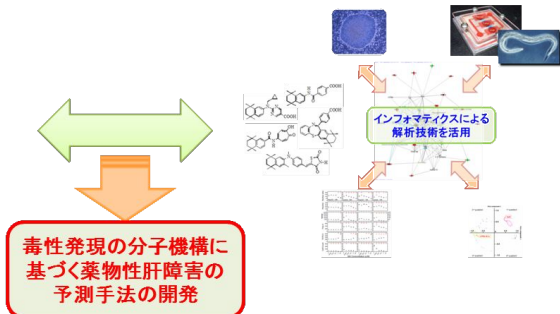
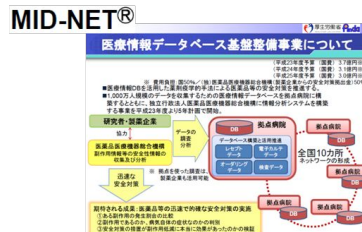
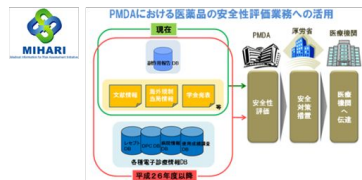


図 10

■「計算毒性学」研究会の設立

2014年3月 CBI学会にて研究会の設立が承認されました

\* CBI(the Chem-Bio Informatics society)学会

\* 研究会への参加と積極的な活動をお待ち致します

□「計算毒性学」研究会の活動計画(予定)

1. 「計算毒性学」キックオフミーティング

CBI学会の、「CBI夏の合宿2014IN道後」にて実施

日時:2014年8月8日(金)-9日(土)

場所:愛媛県道後温泉

2. CBI学会2014年大会におけるフォーカスセッションにおいて、「計算毒性学」のテーマで討論会設定(10月29日(水))

日時(CBI学会年会):2014年10月28日(火)-30日(木)

場所:東京都江戸川区船堀

□その他の活動予定:「計算毒性学」研究会との連携活動

1. WEB上でのブログ公開(<http://insilicoscreening.blogspot.jp/>)

本ブログでは「計算毒性学」の全体的な討論/質問/意見交換の場を提供

2. 他の関連学会や研究機関との連携模索

「計算毒性学」の関連研究分野である、創薬研究/機能性化合物/環境等、および動物実験代替法関連学会、トキシコゲノミクス等の研究機関との連携模索

☞ 連絡先: [contact@insilicodata.com](mailto:contact@insilicodata.com)

**厚生労働科学研究費補助金（地球規模保健課題推進研究事業）**  
**化粧品等の QSAR/in silico/インフォマテクス技術等の安全性評価応用**  
**に関する調査研究**  
**平成 25 年度分担研究報告**

**- in silico 予測系を iPS 細胞等の実験系に適用していくための検討課題**

**や問題点の調査 -**

研究分担者：松永 民秀（名古屋市立大学大学院薬学研究科 教授）

研究要旨：ヒト iPS 細胞由来肝細胞あるいは腸管上皮細胞は、創薬研究等における薬物動態試験あるいは安全性評価試験等への応用が強く期待されている。本研究では、薬物動態試験あるいは安全性評価応用において *in silico* 予測系を iPS 細胞等の実験系に適用していくための検討課題や問題点を明確にするために、ヒト iPS 細胞の肝細胞及び腸管上皮細胞への分化誘導について、文献調査及び学会参加による情報収集を行った。その結果、ヒト iPS 細胞から肝細胞への分化誘導については多くの報告がなされているが、胎児等の未成熟な細胞の特徴を有しているのが問題であった。また、ヒト iPS 細胞から腸管上皮細胞への分化に関する報告は、肝細胞への分化と比較して顕著に少ないため、これからの研究の進展が期待される。

キーワード：ヒト iPS 細胞、肝細胞、腸管上皮細胞、薬物動態試験、安全性評価

**A. 研究目的**

現在使用されている医薬品の多くは、投与が容易で低侵襲性であることから、散剤、錠剤、カプセル剤など、経口投与の剤形として開発されている。経口投与される医薬品の効果は、経口アベイラビリティによって大きく影響されるため、その予測は医薬品の適正使用及び安全性・有効性評価に極めて重要である。経口バイオアベイラビリティは、消化管粘膜透過率、消化管壁での非代謝率及び肝臓での抽出・代謝を免れる率を用いて表わすことができる。経口バイオアベイラビリティを予測する方法は、*in vitro* での手法や実験動物を用いた代謝実験結果を生理学的モデルに組み込むことにより、ある程度可能である。しかし、薬物動態関連酵

素の性質には種差があるため、吸収と初回通過代謝の結果決定される経口バイオアベイラビリティのより正確な予測にはヒト正常細胞あるいは組織等を用いたモデル系が望ましい。そこで、肝臓に関してはヒト肝ミクロソームや肝細胞等を用いて解析が行われているが、肝ミクロソームは可溶性酵素や誘導の評価に欠ける。また、ヒト肝細胞はロット間差が大きく、量に限りがあるうえに非常に高価である。一方、小腸は代謝の寄与が小さいと考えられ、主に吸収・排泄が注目されてきた。しかし、門脈血液中の非結合型薬物のみがその影響を受ける肝代謝に対し、小腸では上皮細胞を透過する際にほぼ全ての薬物が代謝酵素に暴露される。そのため、代謝酵素の絶対量以上に小腸の寄与は大きく、

CYP3A で代謝される医薬品の体内動態や薬物相互作用に小腸初回通過代謝が大きく関与することが最近知られるようになってきた。しかし、ヒト正常小腸上皮細胞の入手は現時点で不可能である。このため、薬物の吸収・排泄の予測には大腸がん由来 Caco-2 細胞が最もよく利用されているが、薬物トランスポーター発現が小腸組織と異なる上に、CYP3A4 など薬物代謝酵素の発現が極めて低い。また、受容体 PXR が発現していないため酵素誘導の評価ができないなど様々な欠点がある。一方、消化管壁での非代謝率予測を容易にするために、小腸組織の様なヒト *in vitro* 系 (*Eur J Pharm Sci* **48**:166-180, 2013) 及びヒト小腸/十二指腸マイクロソーム (*Drug Metab Dispos* **39**:1633-1642, 2011) を用いて評価されてきた。しかし、高い代謝能を有する組織の入手の困難さや、適切な scaling factor に対するコンセンサスの欠如などにより、定量的な利便性は限られている。

ヒト人工多能性幹細胞 (iPS 細胞) は、様々な細胞に分化可能な分化多能性を有し、ほぼ無限の増殖能をもつ細胞である。ヒト iPS 細胞は体細胞から樹立することが出来るためヒト胚を滅失して作製されるヒト胚性幹細胞の様な生命倫理的な問題が少なく、再生医療のみならず薬物動態試験、安全性評価等の新規実験材料としても世界中で注目されている。また、疾患特異的 iPS 細胞研究は稀少疾病等の疾患メカニズム研究への利用も期待されている。

そこで、薬物動態試験あるいは安全性評価応用において *in silico* 予測系を iPS 細胞等の実験系に適応していくための検討課題や問題点を明確にするために、ヒト iPS 細胞の肝細胞及び腸管上皮細胞への分化誘導について、文献調査及び学会参加による情報収集を行った。

## B. 研究方法

本年度は新規実験材料として期待される iPS

細胞の肝細胞及び腸管上皮細胞への分化誘導並びにこれら細胞機能について、文献調査及び学会参加を通じて情報収集を行った。

## C. 研究結果

### (1) ヒト iPS 細胞から肝細胞への分化

ヒト iPS 細胞から肝細胞への分化誘導にサイトカイン類の液性因子を用いる方法がこれまで多数報告されている (*Hepatology* **51**:1754-65, 2010 他)。しかし、液性因子のみを用いる方法は効率の面で不十分なうえに、液性因子が高価であるため非常に経費がかかることが問題である。近年、液性因子に加え肝細胞への分化に関与する複数の核内転写因子の遺伝子をウイルスベクターにて過剰発現させ、分化を促進させる方法が報告された (*J Hepatol* **57**:628-636, 2012)。さらに、正常ヒト臍帯静脈内皮細胞とヒト間葉系幹細胞と共培養させることにより組織としての肝臓を構築させる方法 (*Nature* **499**:481-484, 2013) が報告された。これらの方法は、液性因子のみを用いる方法と比較して非常に手間がかかり、またウイルス等の異物の混入の可能性が避けられないが、肝機能が顕著に向上したと報告されている。著者らも、核内転写因子 HNF6 を導入することにより、最低限の液性因子の添加で肝細胞マーカーや薬物代謝酵素の顕著な発現量増加及び代謝酵素の誘導など、ヒト凍結肝細胞とほぼ同等の機能を獲得することを報告している (*Drug Metabol Pharmacokinet* **28**:250-259, 2013)。

近年、低分子化合物による分化誘導が、特に再生医療を念頭に、安全性及び低コスト化を目的に研究が行われている。著者らも、低分子化合物を用いることで、最低限の液性因子の使用においてもヒト iPS 細胞を効率よく肝細胞に分化誘導する方法を確立した (特許申請 特願 2012-131240、PCT/JP2013/065298 松永民秀ら、「人工多能性幹細胞を肝細胞へ分化誘導

する方法」)。また、この方法により得られた肝細胞は、薬物代謝誘導能及び薬物代謝活性を有し、アセトアミノフェンによる肝細胞毒性評価が可能である。

しかし、ヒト iPS 細胞の肝細胞への分化における核内転写因子及び低分子化合物の利用においても、液性因子の添加が必要であり、分化誘導の全過程を網羅するものはこれまで報告されていない。言い換えれば、遺伝子導入や低分子化合物のみでは、高い機能を有する肝細胞を効率よく分化誘導することは現時点では困難である。例えば、低分子化合物による分化誘導において最も問題となるのは内胚葉への分化と成熟過程である。すなわち、ヒト iPS 細胞から内胚葉に分化するのにほとんどの研究者はアクチピン A を用いており、著者らも同じ方法で行っている (Fig. 1)。マウス ES/iPS 細胞においては低分子化合物 (IDE-1, IDE-2 等) により、効率よく内胚葉に分化することが知られており、既に試薬として販売されている。しかし、ヒト iPS 細胞においては内胚葉への分化は困難である。そのため、アクチピン A に匹敵する低分子化合物を見出すことが非常に重要である。著者らは、内胚葉から肝芽細胞への分化にジメチルスルホキシド (DMSO) を用いている (Fig. 1)。また、肝芽細胞から肝細胞への分化には、デキサメタゾン (DEX) に加えて、肝細胞増殖因子 (HGF) とオンコスタチン M (OSM) を用いている。肝芽細胞から肝細胞への分化と成熟化にデキサメタゾン、肝細胞増殖因子、オンコスタチン M 処理が多くの報告で行われている最も一般的な方法である。しかし、この方法では胎児肝特異的な  $\alpha$ -フェトプロテインの高発現が認められることから (Fig. 2)、胎児様の性質であることが示唆される。

内胚葉への分化は、低分子化合物に限らなければアクチピン A で十分である。しかし、肝細胞の成熟化に関しては核内転写因子の過剰発

現や他の細胞との共培養など様々な方法が試みられているが、世界的に十分使用に耐えられるものは作り出されておらず、最も大きな課題とされている。現在、最大の欠点である未熟性を克服するは容易でなく、更なる研究が必要と考えられる。

## (2) ヒト iPS 細胞から腸管上皮細胞への分化

シトクロム P450 3A (CYP3A) と P 糖タンパク質 (MDR1/P-gp) に対して重複する基質においては相乗的な相互作用が考えられている (*Int J Pharm* 277:3-9, 2004; *Curr Drug Metab* 14:102-111, 2013)。また、小腸には CYP3A と共に複数のグルクロン酸転移酵素 (UGT) が高発現しており、これらによる初回通過代謝が、Raloxifene をはじめとする薬物の低い経口バイオアベイラビリティの要因であることも報告されている (*Drug Metab Pharmacokin* 26:592-601, 2011)。さらに、カルボキシエステラーゼや還元酵素の予測の重要性も指摘されており (*Life Sci* 81:924-932, 2007; *Drug Metab Dispos* 41:1104-1111, 2013)、総合的な小腸代謝評価の重要性が非常に高まっている (*Drug Metab Rev* 43:476-498, 2011; *Drug Metab Dispos*, 2013 Aug 5. [Epub ahead of print])。

腸管幹細胞から腸管上皮細胞への分化には、幹細胞ニッチといわれる微小環境が重要であり、Wnt、BMP、Notch 等のシグナル経路が関与する (*Gastroenterology* 134: 849-864, 2008)。また、MEK/ERK 経路も腸管上皮細胞の分化に関与するとの報告もある (*Am. J. Physiol. Gastrointest. Liver Physiol* 301: G719-730, 2011)。一方、Hino らは腸管特異的遺伝子群を制御している HNF-1 $\alpha$  が miR-194 も制御していることを明らかにし、miRNA が腸管上皮細胞の成熟に重要な役割を果たしている可能性を示唆した (*RNA* 14:1433-1442, 2008)。また、Liao らは腸管上皮細胞の分化誘導に関与する TGF- $\beta$  の恒常性に

miR-146b が重要な役割を演じていると報告している (*Genes Nutr* 8:69-78, 2013.)。

肝細胞への分化と比較して、iPS 細胞から腸管組織への分化誘導に関する知見は非常に乏しく、2010 年にマウス iPS 細胞から胚様体を形成し、腸管組織を作成したとの報告が最初である (*Biochem. Biophys Res Commun* 391:38-42, 2010)。その後、腸管上皮幹細胞の培養法を応用し、初めてヒト iPS 細胞から腸管様構造を形成させたとの報告がなされた (*Nature* 470:105-109, 2011)。ごく最近、Ogaki らは Wnt 及び Notch シグナルに影響する低分子化合物が腸管細胞系譜への分化を促進するとの報告を行った (*Stem Cells* 31:1086-1096, 2013)。しかし、これらの報告において、薬物動態の機能に関する解析は全くなされておらず不明である。

著者らは、ヒト iPS 細胞をアクチビン A にて内胚葉に、FGF2 にて腸管幹細胞に分化後、EGF にて腸管上皮細胞へと分化誘導する方法を確立した (Fig. 3, *Drug Metabol. Pharmacokin* 29:44-51, 2014)。本法にて分化した腸管上皮細胞において、腸管上皮細胞特異的に発現するマーカー mRNA の発現 ( Fig. 4 ) 及び sucrase-isomaltase のタンパク質発現が認められた。また、本細胞はペプチドトランスポーターの基質の取り込み機能を有していることが明らかになった。これらの結果は、ヒト iPS 細胞が特徴的な機能を有する腸管上皮細胞に分化したことを意味するものである。しかし、本法において分化した場合、sucrase-isomaltase 抗体で染色されるのは 10%程であり、分化効率の低さが課題であった。そこで、肝細胞への分化誘導の場合と同様、サイトカイン類に加え、複数の低分子化合物を添加したところ、50%以上の細胞に sucrase-isomaltase のタンパク質発現が認められた。また、CYP の活性に加え、UGT 及び SULT 活性も認められた。さらに、腸管上皮細胞特徴的な機能として CYP3A4 の活性化型ビタミン D<sub>3</sub>

による顕著な誘導も認められたことから、機能を有する細胞に分化したことが示唆された。本技術は、現在特許申請中であり、詳細な記載はできないが、これまでヒト iPS 細胞由来腸管上皮細胞で薬物動態機能を評価した初めての細胞である。

#### D. 考察

ヒト iPS 細胞から薬物代謝能および薬物輸送能を有する腸管上皮細胞が作製できれば、小腸における薬物動態研究に多大なる影響を与えることができる。また、ヒト iPS 細胞から分化誘導した肝細胞及び腸管上皮細胞を用いて薬物動態の評価系が構築されれば、より優れた動態特性を有する医薬品の開発にも貢献できるものと考えられる。さらに、ヒト iPS 細胞由来肝細胞及び腸管上皮細胞の結果を、臨床研究から得られる初回通過バイオアベイラビリティの結果と比較し、そのギャップを *in silico* で補正できれば今後薬物動態試験での利用が期待できる。

#### E. 結論

ヒト iPS 細胞由来の未熟な肝細胞の結果から、成熟した肝細胞における薬物動態あるいは安全性評価の結果を *in silico* の手法を用いて予測し、ヒト iPS 細胞由来腸管上皮細胞との組み合わせによる評価系ができれば、iPS 細胞の創薬研究への利用は加速するものと思われる。

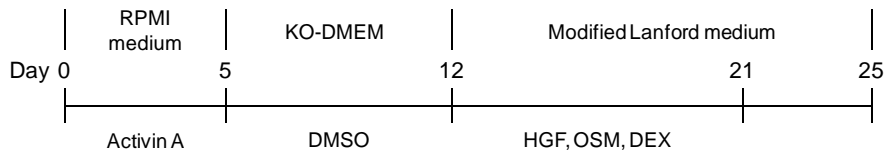
#### F. 研究発表

1. 奥村 啓樹、鶴飼 茜、佐藤 大介、宮本 智美、三好 一郎、平林 真澄、中村 克徳、松永 民秀：プラストシストインジェクションによるラット iPS 細胞由来細胞を持つキメラマウスの作出。日本薬学会第 134 年会 (2014, 3, 熊本, 30pmL-116S)
2. 小野里 太智、佐藤 大介、小枝 暁子、

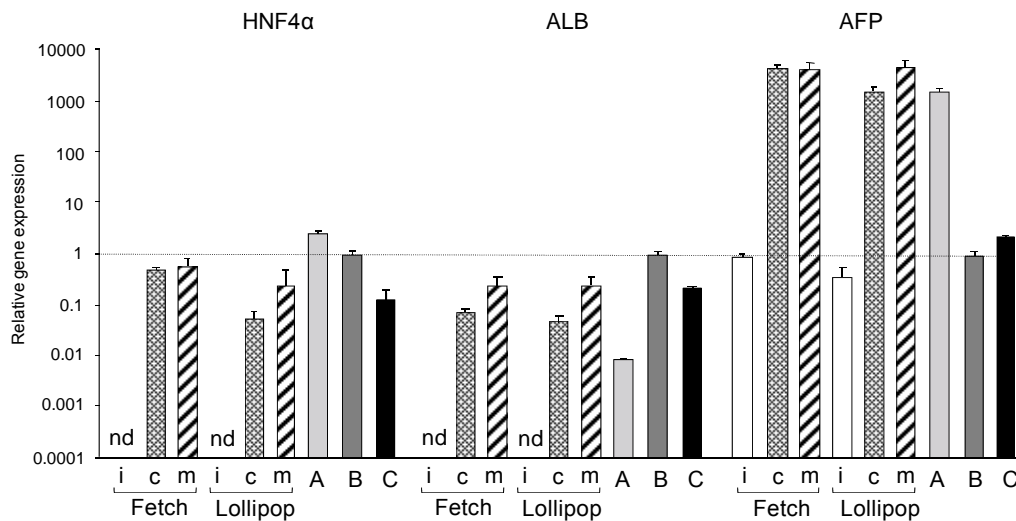
- 中村 克徳、松永 民秀:カニクイザル皮膚線維芽細胞からの iPS 細胞の樹立. 日本薬学会第 134 年会 (2014, 3, 熊本、30pmL-117S)
3. 大手 万里子、佐藤 大介、前田 徹、中村 克徳、松永 民秀:糖原病 Ib 型患者由来 iPS 細胞を用いた好中球モデルにおける PKC を介した NOX2 活性化機序の解明. 日本薬学会第 134 年会 (2014, 3, 熊本、30pmL-118S)

**G. 知的所有権の取得状況**

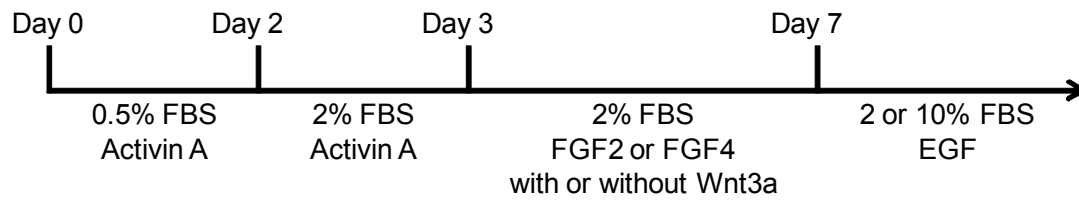
無し



**Fig. 1.** Schematic of the protocol for the differentiation into hepatocytes from 2 human iPS cell lines. Two human iPS cell lines (Fetch and Lollipop) were differentiated into endoderm cells by addition of 100 ng/mL activin A for 5 days, and then into hepatocytes by the addition of 1% DMSO for 7 days. The hepatocytes were then matured by the addition of 10 ng/mL HGF, 20 ng/mL OSM, and 100 nM DEX for 9 days. For the final 4 days, the cells were cultured in modified Lanford medium alone, without HGF, OSM, and DEX.

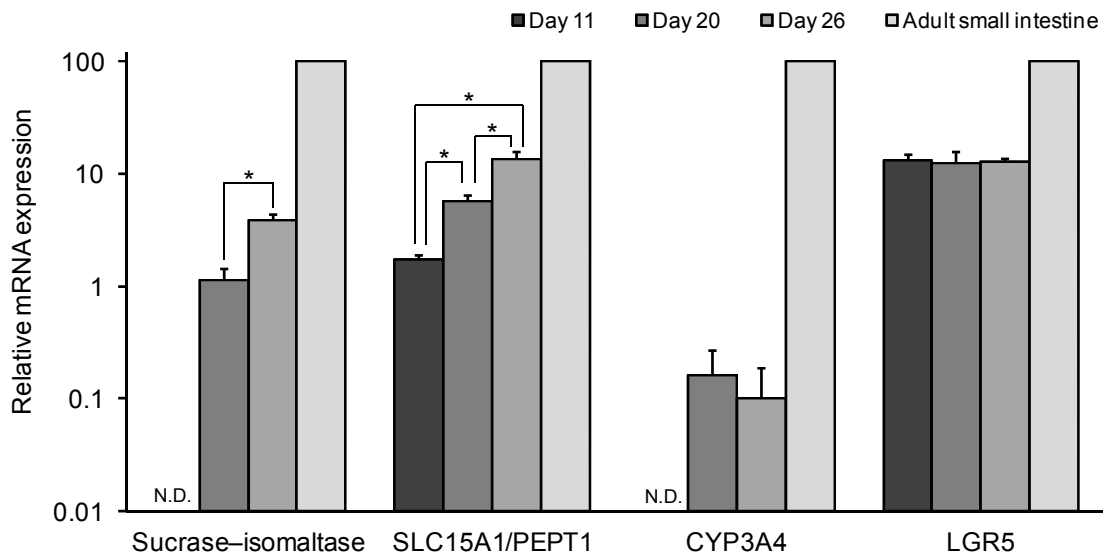


**Fig. 2.** Expression levels of liver marker protein mRNAs. The expression levels of HNF4 $\alpha$ , ALB, and AFP mRNAs in undifferentiated human iPS cells (i) and hepatocyte-like cells differentiated from two human iPS cell lines (Fetch and Lollipop) were analyzed using real-time PCR. Collagen I (c) or Matrigel (m) was used for the differentiation as the extracellular matrix. A, B, and C present HepG2 cells, human adult liver, and hepatocytes, respectively, as positive controls. Each bar represents the mean  $\pm$  SD from triplicate experiments. Values were normalized to the level of GAPDH mRNA. The graph represents the relative gene expression level when the level in the liver was taken as 1. nd, not detected.



**Fig. 3.** Schematic of the protocol for the differentiation of human iPS cells into enterocytes

Human iPS cells were cultured in the presence of activin A (100 ng/ml) for 3 days. The cells were further cultured in medium containing FGF2 (250 ng/ml) or FGF4 (250 ng/ml) with or without Wnt3a (50 ng/ml) for 4 days. After 7 days of differentiation, the cells were treated with Y-27632 (10  $\mu$ M), passaged, and subsequently cultured in the presence of 2% or 10% FBS and EGF (20 ng/ml) for 19 days.



**Fig. 4.** Time-dependent variation in mRNA expression levels of sucrase-isomaltase, *SLC15A1/PEPT1*, and *LGR5* in differentiated enterocyte-like cells

Human iPS cells were cultured in the presence of activin A for 3 days. The cells were further cultured in medium containing FGF2 for 4 days and then in the presence of 2% FBS and EGF for 4, 13, or 19 days. After 11, 20, or 26 days of differentiation, total RNA was extracted and mRNAs were analyzed by SYBR Green real-time RT-PCR. mRNA expression levels were normalized relative to that of GAPDH. Gene expression levels are represented relative to the level in the adult small intestine, which is set as 100. The adult small intestine was used as a positive control. Data are presented as the mean  $\pm$  S.D. (n = 4) except for the adult small intestine. N.D.; not detected. Levels of statistical significance compared among all groups; \*P < 0.01.

**厚生労働科学研究費補助金（地球規模保健課題推進研究事業）**  
**化粧品等の QSAR/in silico/インフォマテクス技術等の安全性評価応用**  
**に関する調査研究**  
**平成 25 年度分担研究報告**

**- 毒性評価データベースに関する動向調査 -**

研究分担者：水口 賢司（(独)医薬基盤研究所 バイオインフォマテクスプロジェクト  
プロジェクトリーダー）

研究要旨：インシリコでの毒性予測や毒性発現メカニズムの解明には、化学構造に加えて化合物暴露に対する遺伝子発現情報などの利用が有効であると考えられている。そのようなトキシコゲノミクス研究の進展には、大規模な遺伝子発現情報をコンピュータ解析可能な形で如何に整理して、他のデータと統合するかが鍵になる。本研究では、毒性評価の基礎となるデータベースの現状を調査し、毒性メカニズムのモデリングに向けた将来への展望を議論した。

キーワード：トキシコゲノミクス、遺伝子発現情報、データ統合、モデリング

#### A. 研究目的

化学構造と活性との関係をモデル化する定量的構造活性相関 (quantitative structure-activity relationship; QSAR) は、結合親和性などの比較的単純なエンドポイントに対しては有効で、幅広く用いられているが、肝毒性などへの適用には限界がある。実際、Low らは (Low *et al.*, Chem. Res. Toxicol. 24:1251-1262, 2011)、後述のトキシコゲノミクスプロジェクトによるデータを解析し、QSAR による化合物の肝毒性予測では、限られた精度しか達成できないことを報告している。そのため、化学構造以外の情報、特に実験的に取得した遺伝子発現情報を利用して毒性発現メカニズムの解明や毒性予測を目指すトキシコゲノミクスに期待が持たれている。遺伝子発現情報などの大規模データから経験則を抽出して現象をモデリングする試みは、工学、

医学、薬学を含む幅広い分野でさかんに研究が進められている。そのような研究の前提として、現象に関連するデータが、コンピュータ解析可能な形で整理されている、すなわちデータベースが整備されていることが重要である。そこで本研究では、毒性評価の基礎となるデータベースの現状を調査し、その展望と課題を明確化することを目的にした。

#### B. 研究方法

関連データベースは、文献検索やインターネット上の検索により調査した。我々自身が開発した、トキシコゲノミクス統合解析プラットフォーム Toxygates は、後述の Open TG-GATEs による公開データを元にして、セマンティックウェブ技術と key-value ストアと呼ばれるデータベース技術を用いて構築した（詳しくは、

Nystrom-Persson *et al.*, *Bioinformatics*, 29:3080-3086, 2013)。これらのデータベースをウェブ上の操作により比較、検討した。

## C. 研究結果

### (1) 毒性評価に関連する既存データベース

官民共同研究としての日本のトキシコゲノミクスプロジェクト(以下、TGP と呼ぶ。 <http://www.tgp.nibio.go.jp/index.html>) は、医薬品などの化合物をラット個体や細胞に暴露した際の毒性情報と遺伝子発現情報を網羅的に収集することで、創薬研究早期での毒性発現メカニズムの解明や毒性予測を目指したものである。Open TG-GATEs というデータベース名で、遺伝子発現データ、病理所見と高解像度病理画像、生化学データが公開されている (<http://toxico.nibio.go.jp>)。

一方、海外の関連するデータベースとしてまず、Comparative Toxicogenomics Database をあげることができる (<http://ctdbase.org>; Davis *et al.*, *Nucleic Acids Res.*, 41, D1104–D1114, 2013)。このデータベースは、文献情報のキュレーションにより、医薬品と遺伝子や疾患との関係性をまとめたものだが、実際の遺伝子発現データについては提供されていない。遺伝子発現データの大規模データベースとしては、Gene Expression Omnibus (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>; Barrett *et al.*, *Nucleic Acids Res.*, 39, D1005–D1010, 2011) や ArrayExpress (<https://www.ebi.ac.uk/arrayexpress/>; Rustici *et al.*, *Nucleic Acids Res.*, 41, D987–D990, 2013) が存在する。これらには、化合物暴露に対する遺伝子発現の変

化についての実験データが多数格納されており、トキシコゲノミクス研究に大いに関連するデータベースと言える。但し、これらのデータベースは毒性学に特化したものではなく、遺伝子発現データ一般についてのレポジトリであるため、測定プラットフォーム、対象となる生物種、化合物の種類や投与方法、その他実験プロトコルについて、多種多様なデータが混在している。従って、毒性評価のためのデータ解析には、やや使いづらい面もある。DrugMatrix (<https://ntp.niehs.nih.gov/drugmatrix/index.html>; Ganter, *et al.*, *J. Biotechnol.*, 119, 219–244, 2005) は、600 以上の化合物をラット個体に投与した際の遺伝子発現データをマイクロアレイにより収集したものである。上記の TGP データは、化合物数としては DrugMatrix に及ばないが、統一された実験デザインに基づいて、より多くの投与量や時点でのデータがあり、系統的なトキシコゲノミクス解析に有利な点を持っている。

The Connectivity Map(以下、cmap と呼ぶ。 <http://www.broadinstitute.org/cmap/>; Lamb *et al.*, *Science*, 313, 1929–1935, 2006) は、生物活性を持つ化合物をヒト培養細胞に暴露した際の遺伝子発現情報を網羅的に収集して公開している。後述する、我々の開発した Toxygates と同様、遺伝子発現パターンの類似度に応じて化合物をランキングするシステムを提供している。但し、cmap では、複数のプラットフォームを用いた測定がなされているため、コルモゴロフスミルノフ検定によって化合物の順位付けを行なっているが、Toxygates の場合は、元になる TGP データが単一プラットフォームを採用しているため、より直接的な発現データ間の相関係数を用いたランキング

が可能になっている。

ToxBank ( <http://toxbank.net> ; Kohonen *et al.*, *Mol. Inform.*, 32, 47–63, 2013)は、毒性評価のための、より一般的なデータ統合プラットフォームを目指している。遺伝子発現データ解析に限らず、毒性学研究一般についてのデータが提供されている。

## (2)トキシコゲノミクス統合データ解析プラットフォームとしての Toxygates

上で述べたように、TGP によるトキシコゲノミクスデータは、統一したプラットフォームとプロトコルを特徴とし、毒性評価の基礎データとして極めて重要なものである。但し、Open TG-GATEs データベースでは、マイクロアレイの生データのダウンロードを可能にしているだけで、データの統合や解析という機能は提供されていない。そこで我々は、セマンティックウェブと呼ばれる技術を用いて、Open TG-GATEs と KEGG データベースによるパスウェイ情報 ( <http://www.genome.jp/kegg/pathway.html> )、Gene Ontology 機能注釈情報 ( <http://www.geneontology.org/> )、ChEMBL データベースからの化合物—ターゲット情報 ( <https://www.ebi.ac.uk/chembl/> ) 等の外部データとを統合し、化合物投与に反応する遺伝子の同定と絞り込みが可能なシステムを構築した。Toxygates と名付けたこのシステムは、トキシコゲノミクスデータ統合解析プラットフォームと位置づけることができる ( <http://toxygates.nibio.go.jp>; Nystrom-Persson *et al.*, *Bioinformatics*, 29:3080-3086, 2013 )。Toxygates を用いることで、特定の化合物投与後にどのよう

な遺伝子が発現変動したかを調べ、それと似たような反応を示す他の化合物をランキングすることが可能になった( 図 1 )。現在、このデータベースシステムを拡張して、アジュバント (免疫賦活剤) の有効性と安全性の指標となるバイオマーカー探索の基礎となるデータベースの構築を進めている ( <http://adjuvantdb.nibio.go.jp> )。

## D. 考察

本研究で調査したデータベースの中でも、TGP データ ( Open TG-GATEs および Toxygates ) は、統一したプラットフォームとプロトコルに基づく動物個体に対する大規模なデータとして貴重なものと言える。また、同じ化合物を細胞に暴露した際の遺伝子発現情報についても収集されているので、個体レベルと細胞レベルとの架け橋となる可能性も有している。但し、単純に発現量変動遺伝子を比較するという解析では、ラット個体と細胞でのデータには大きな差があり、両者を結びつけることは難しく思われる。化合物作用と遺伝子発現というエンドポイントの間には、シグナル伝達や転写制御など様々なプロセスが関与しており、それらに関して何らかのモデル化を試みることで、より抽象的なレベルで個体レベルと細胞レベルのデータを関連付けることが必要であろう。複雑なシグナル伝達プロセスのモデル化は容易ではないが、そのネットワーク構成要素に関しては、タンパク質間相互作用、化合物—タンパク質相互作用、転写因子—標的遺伝子相互作用などについて、多くのデータが公共データベース上に蓄積されつつある。Open TG-GATEs による遺伝子発現情報と公共データベース上のパスウェイや化合物情

報を統合する Toxygates は、そのようなデータ統合に向けた試みの最初のステップと位置づけることができる。また、170 程度という化合物の数は、化学構造に基づく毒性評価という目的には極めて少なく、今後大規模に動物個体による実験データを追加していくことは困難であろうから、上記のインシリコ解析により個体と細胞とを関連付けるモデル化を行ない、それに基づいて細胞レベルでの実験をデザインして遂行するという戦略が有効ではないかと考えられる。

#### **E. 結論**

本研究では、毒性評価の基礎となるデータベースの現状を調査することで、今後のインシリコ毒性予測への期待とその実現に向けた課題を明らかにした。考察で述べたように、ドライの解析が主導する形で実験をデザインし、より一層のデータの蓄積と統合を実現できるかが、今後のこの分野の進展の鍵になると考えられる。そのためには、ウェットとドライ研究の緊密な連携が必須であろう。

#### **F. 研究発表 学会発表**

1. 水口 賢司：データ統合とネットワーク解析による創薬初期研究の支援、第3回シスメックスプロテインカンファレンス(2013-10-18、品川プリンスホテル)
2. 水口 賢司：データ統合とネットワーク解析による創薬支援、第9回霊長類医科学フォーラム(2013-11-14、文部科学省研究交流センター)
3. 水口 賢司：創薬の初期研究におけるデータ統合：ターゲットと安全性

の評価、第345回CBI学会研究講演会(2014-1-9、東京大学山上会館大会議室)

4. 水口 賢司：‘アジュバントゲノミクス’に向けた統合データベースの現状、第7回次世代アジュバント研究会(2014-1-21、千里ライフサイエンスセンター)
5. 水口 賢司：データベースは、創薬初期でのターゲット評価と安全性の予測に役立つか？、MEDALS 第三回データベース講習会(2014-1-24、産総研・関西センター)

#### **G. 知的所有権の取得状況**

無し

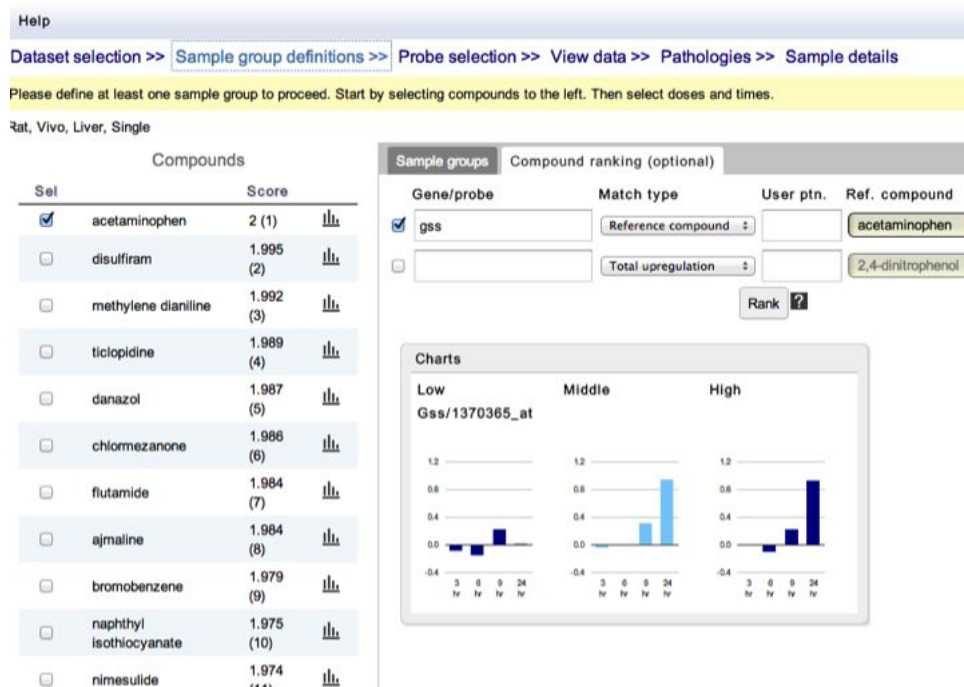


図1 トキシコゲノミクスデータ統合解析プラットフォーム Toxygates による、遺伝子発現パターンを用いた化合物ランキング

## 別紙 4

## 研究成果の刊行に関する一覧表

## 書籍

著者氏名	論文タイトル名	書籍全体の 編集者名	書 籍 名	出版社名	出版地	出版年	ページ
該当なし							

## 雑誌

発表者氏名	論文タイトル名	発表誌名	巻号	ページ	出版年
該当なし					