

研究課題 (テーマ)	ドライとウエットの融合プラットフォームを基盤とする 次世代型バイオ医薬品の設計・開発・生産パイプラインの確立		
研究者	所属学科等	職	氏名
代表者	生物工学科	講師	牧野祥嗣
	生物工学科 (H28年度)	准教授	磯貝泰弘
	生物工学科	教授	伊藤伸哉
研究結果の概要			
<p>2014年の世界の大型医薬品売上高の上位10品目のうち、7品目は蛋白質性バイオ医薬品である。このことは、優れた蛋白質を開発して効率よく生産することを得意とする生物工学分野が、製薬産業界へ優れた技術者を提供する立場となったことを示す。その一方で、本生物工学科のバイオ医薬関連の研究・教育体制はまだ弱く、その充実が緊急の課題である。そこで本学科では、昨年に引き続き、バイオ医薬の開発研究の基盤を強化するとともに、研究開発の経験を通じた教育による優れた技術者の育成を目指した。</p> <p>昨年度は、世界のバイオ医薬品上位4品目の適応疾患であるリウマチについて、抗体医薬よりも安価なバイオ医薬シーズ開発を行った。今年度は、これを継続して推し進めながら、本学科の強みである多様な専門家の協働により、次世代型蛋白質性バイオ医薬品の設計・開発・生産パイプラインの構築を目指した。</p> <p>実際には、抗体ではない蛋白質を利用・改変し、従前の抗体医薬と同等な薬効を持つ次世代型のバイオ医薬シーズを開発し、微生物を利用して生産する研究を進めた。具体的には、ヒト由来のSUMO2蛋白質とリウマチの標的タンパク質であるTNF-<math>\alpha</math>との相互作用部位を計算機実験により同定(磯貝が担当)した結果をもとに作成したランダムアミノ酸置換ライブラリから、TNF-<math>\alpha</math>結合変異体を選択した(牧野が担当)。本年は特に、次世代シーケンサーを利用した配列ベースの選択を実行し、結合候補蛋白質の発見を効率化した。続いて選択されたクローンの微生物による組換え生産系を確立した(伊藤が担当)。変異体蛋白質を精製し解析したところ、TNF-<math>\alpha</math>への親和性があることがわかった。</p> <p>この一連の過程を通して、変異体ライブラリ作成、親和性選択、配列解析、大量生産の開発パイプラインの流れが確立された。また、本プロジェクトに参画した学生にとって、研究開発を通じた技術者養成教育のプロセスを作成することができた。これらのことにより、多くの優れた技術者を輩出するための基盤が構築できたと考える。また今後、技術者および成果品を送り出すことで、富山が世界的な研究開発・生産の拠点となるなど、地域の新産業創出が期待される。</p>			
今後の展開			
<p>過去2年間、蛋白質性バイオ医薬品開発を軸とした重点領域研究を進めてきた。今後はさらにこれを展開し、バイオ医薬開発という実践的教育を通じた優れた技術者の養成を、より強く推進していく。特にこれからは、このような教育・研究を医薬品工学科とともに行い、2学科のバイオ医薬開発に関する教育および研究にとってモデルプログラムとなるべきものを確立する。そのために具体的には、これまでに創出した抗リウマチバイオ医薬シーズについて、バイオ医薬品としての実用化を見据え、次の課題である物理化学的特性評価、および生物活性(または薬効)評価を進めていく。</p>			