S7-5

漢方薬の効果予測システムの構築を目指した血漿プロテオーム解析

A Proteomic Approach for the Diagnosis of a Pathophysiological Concept of Kampo Medicine

○櫻井　宏明[1]，小川　和生[2]，松本　千波[2]，尾山　卓也[3]，柴垣　ゆかり[3]，木我　千鶴[1]，小泉　桂一[1]，済木　育夫[1]（[1]富山大学和漢医薬学総合研究所病態生化学分野，[2]株式会社ツムラ中央研究所，[3]ｲﾝﾃｯｸ･ｳｪﾌﾞ･ｱﾝﾄﾞ･ｹﾞﾉﾑ･ｲﾝﾌｫﾏﾃｨｸｽ株式会社）

漢方医学における体質や症候を含む、いわゆる「証」（病態の変化）を西洋医学的に解明することは、「個の医療」に理論的基盤を付与するという意味において重要である。本研究においては、進展している発現プロテオミクス研究の技術を導入し、病態の変化（証）に影響する生体タンパク質、投与された多成分の薬物の直接的な標的となるタンパク質の変化、さらに疾患に関連するタンパク質の発現プロファイルを解析し、特定するシステムの開発を目指している。まず、漢方医学的に「お血」病態を伴う関節リウマチ患者を対象として、代表的な駆「お血」剤である桂枝茯苓丸の漢方医学的な診断治療を行った。同意を得た患者さんから治療前後の血漿を提供していただき、プロテインチップ解析結果を用いた階層的クラスタリング法により、「お血」病態の患者さんのクラスターが存在することが示唆された。また、マルチマーカーによる解析を進めた結果、漢方治療より「お血」が改善したグループの中で、アメリカリウマチ学会診断基準による西洋医学的な効果判定においても有効性が認められたグループが存在した。この結果は、桂枝茯苓丸の漢方医学的な治療効果が西洋医学的な治療効果に結びついていることを、特定のタンパク質の発現解析によって示唆していると思われる。さらに、治療前の血漿プロテオーム解析により関節リウマチ患者における桂枝茯苓丸の有効性を診断予測するバイオマーカー探索を進めた結果、ハプトグロビンの遺伝子型の違いにより桂枝茯苓丸の有効性を予測することが可能ではないかという結果を得た。以上の検討は、漢方医学の診断治療の科学的な根拠となりうると期待される。