



私がこの課題の代表者です

支援メニューはこちらを Click!

課題番号・課題内容

B5-1 遺伝子発現・機能解析からインシリコ解析の連携支援 など

東北大学 大学院情報科学研究科/東北メディカル・メガバンク機構 教授/副機構長

きのした けんご 木下 賢吾 先生 Kinoshita Kengo

京都大学 博士 (理学)、横浜市立大、東大医科研を経て 2009 年より現職。未だにタンパク質科学の人だと思いたいが、気がつけばゲノム解析の人になりつつある。



### タンパク質科学とゲノム科学の狭間で

2009年に東北大学に来るまでは、基本的にタンパク質関係の情報解析を行ってきました。分かりやすい例だとタンパク質構造情報を利用した低分子結合部位の予測とかになります。その頃も並行して、遺伝子の共発現などタンパク質科学とは少し視点の違うこともやっていましたが、立体構造が理解のベースラインにあるため、発現量そのものと言うよりは、その制御のメカニズムに対する興味から入る流れでした。その後、2011年3月11日に東日本大震災を境に状況は一変しました。幸いにも身の回りで人的な被害はありませんでしたが、施設など研究環境は大きく変わりました。また、心情的にも以前は「理学至上主義」的なところがあり、社会の役に立つ研究という意識は低かったのですが、この大震災を機会に直接的には震災復興に役立つことが出来ないかと思い始めました。そのタイミングで、復興プロジェクトとして、大規模ゲノム解析を伴う東北メディカル・メガバンク計画が立案され、その情報解析で加わることになりました。最初は、4種類(ATGC)の文字列しか無い世界、つまり理解のベースラインが物理科学(=立体構造を基盤とした理解)的な視点ではないことから、理解の視点が違って戸惑ったのも今では良い思い出になりました。現在は10万人の全ゲノム解析を進めており、これらの解析が、ゲノム情報に基づく未来型医療の実現に少しでも貢献出来て、被災地の復興の一助になればと思っています。

この課題を支援しています



東北大学 未来型医療創成センター/東北メディカル・メガバンク機構 教授

かつおか ふみき 勝岡 史城 先生 Katsuoka Fumiki

支援メニューはこちらを Click!

課題番号・課題内容

B5-1 遺伝子発現・機能解析からインシリコ解析の連携支援

### 研究スタイルの移り変わりを実感しながら

私が研究の世界に足を踏み入れた頃、生化学の研究室なら、例えばファージのスクリーニング、ノザンプロット、ウェスタンブロットなど、自分の解析や技術だけで研究が完結していました。今となっては牧歌的ですね。やれる事に限界もあったけど、それはそれで楽しかった。しかし気が付けば、研究は、高度化した技術による包括的なデータを活用し、様々な方々の協力によって実施されるスタイルが当たり前になっていました。そして、BINDSのような研究支援の仕組みの重要性をひしひしと感じています。遺伝子発現制御という自分の専門性、東北メディカル・メガバンクプロジェクトでの大規模ヒトゲノム解析の経験を活かして、BINDSの支援に取り組んでいきたいと考えています。どうぞよろしくをお願いします。

この課題を支援しています



東北大学 大学院薬学研究科 生活習慣病治療薬学分野 准教授

ひらつか まさひろ 平塚 真弘 先生 Hiratsuka Masahiro

支援メニューはこちらを Click!

課題番号・課題内容

B5-2 薬物候補化合物の代謝多様性解析

### 現在の取り組みと関心のある研究

現在私が目指しているのは、「ファーマコゲノミクス情報を活用した個別化医療の実現のための研究基盤構築」です。特に、薬効や副作用発現の個人差を予測するゲノムバイオマーカーの発見とその臨床実装化は重要だと考えており、全ゲノムシーケンズにより同定された多数の遺伝子多型に由来するバリエーション型薬物代謝酵素タンパク質を人工的に合成し、in vitro assayによる網羅的な機能変化解析を進めています。今後は、最先端の革新的ファーマコゲノミクス解析を基盤とした医療薬学研究を展開するために、多層オミックス解析技術を積極的に取り入れたいと思っています。患者個々に最適な薬物療法を提供するには、ゲノム情報だけではなく、薬効・副作用発現予測に有用なマイクロRNA情報や治療薬の代謝物体内動態情報等のバイオマーカー同定が重要な研究テーマとなるでしょう。したがって、ゲノミクス、エピゲノミクス、トランスクリプトミクス、医薬品メタボロミクスの最先端多層オミックス解析技術を駆使してバイオマーカーを発見し、患者個々に最適な個別化薬物療法を展開できるような革新的研究基盤の構築を目指したいと思っています。

東北大学 未来型医療創成センター/東北メディカル・メガバンク機構 助教

ひしぬま えいじ 菱沼 英史 先生 Hishinuma Eiji

この課題を支援しています



東北医科薬科大学薬学部卒業(2014年)、東北大学大学院薬学研究科修了(博士(薬学))。2018年4月より現職。質量分析装置を用いたメタボローム・プロテオーム解析による疾患バイオマーカー探索研究を行っています。

支援メニューはこちらを Click!

課題番号・課題内容

B5-3 メタボローム解析支援

### これまでの研究

私は学生のころから、主に薬物代謝酵素を標的としたファーマコゲノミクス研究を行ってきました。具体的にはToMMoの一般住民全ゲノム解析データベース情報を活用した、日本人集団に特有の遺伝子多型バリエーション酵素のin vitro解析を行い、抗がん剤の副作用の原因となり得るマーカーを特定しました。2018年に未来型医療創成センターに着任してからは薬物代謝のみならず、より広範な生体内の代謝を扱うようになり、メタボローム解析技術を駆使したバイオマーカー探索が主な研究テーマです。最近、プロテオームの解析系も立ち上げ、質量分析装置を扱う解析業務を担っています。

### 現在の取り組み

メタボロミクスは、ヒトの表現型の変化を最もよく反映すると考えられており、数々のバイオマーカー探索研究に大きく貢献しています。私たちはこれまでに、一般住民コホート研究から得られた血漿検体メタボローム解析を勢力的に行っています。また、これらのデータを比較対象として、婦人科がんを中心に各種疾患の解析も実施しており、がんの診断や治療効果の予測に有用であろうバイオマーカーを特定しました。私たち独自の解析手法によるハイスループットかつ定量精度の高いマルチオミックス解析を活用して、疾患の診断だけでなく予後予測や病状のモニタリング、薬剤の感受性予測といった個別化医療の展開に有用なバイオマーカーの同定に貢献したいと考えています。

支援メニューはこちらを Click!

課題番号・課題内容

B5-4 生体高分子立体構造モデリング

### これまでの研究と現在の取り組み

これまでに、蛋白質・化合物・電顕マップの比較法やホモロジー・モデリング用のWEBデータベースの開発を行ってきました。今回のBINDSでは、AlphaFold2などの新規予測構造の複合体モデリングへの活用、アミノ酸変異の影響の立体構造を使った解釈、クライオ電顕データに基づくモデリングの三点に注力して、必要な技術の開発(高度化)を行なっています。開発したツールはできるだけWEBサービスとして広く公開するつもりです。また、個別の支援も行っていますので、構造モデリングなど立体構造データを利用した情報解析に関心がある方はお気軽に声をおかけください。

東北大学 大学院情報科学研究科 特任准教授

かわばた たけし 川端 猛 先生 Kawabata Takeshi

この課題を支援しています



東大農学生命科学研究科博士課程修了。遺伝研、奈良先端大、阪大蛋白研、蛋白質研究奨励会を経て、現職。蛋白質の立体構造データや電顕3D画像の情報解析が専門。立体構造モデリング、変異の影響の解析など構造に関する幅広い支援を行います。