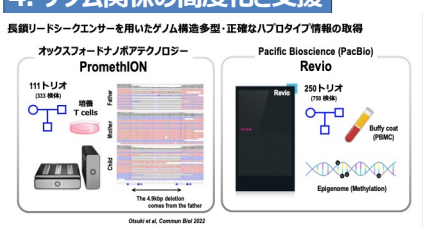
発現・機能解析ユニット

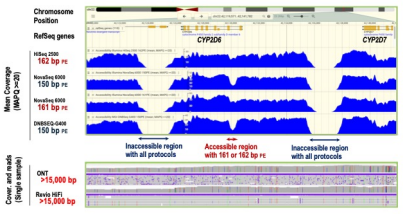
補助事業代表者（所属・職名）
木下　賢吾（東北大学情報科学研究科・教授）

4. ゲノム関係の高度化と支援

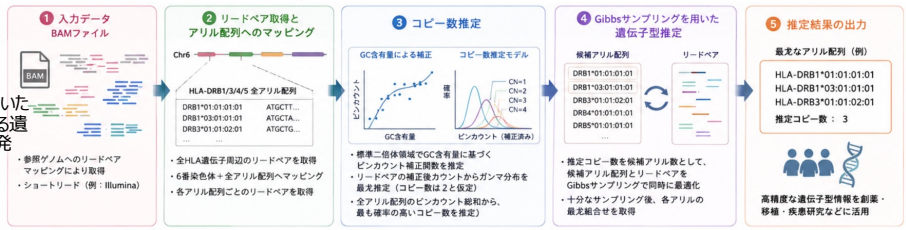
長鎖リードシークエンサーを用いたゲノム構造多型・正確なハプロタイプ情報の取得



難読領域のCYP2D6も綺麗に読めるようになってきた

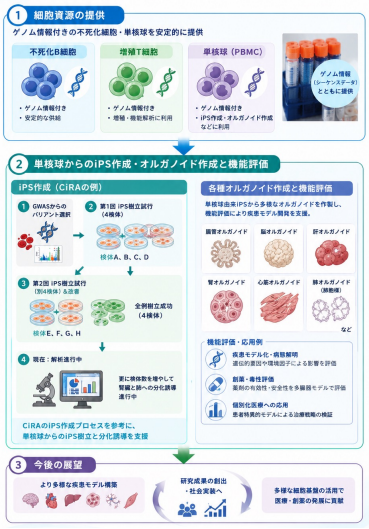


調査リードデータを用いた深層学習モデルによる遺伝子型推定法の開発



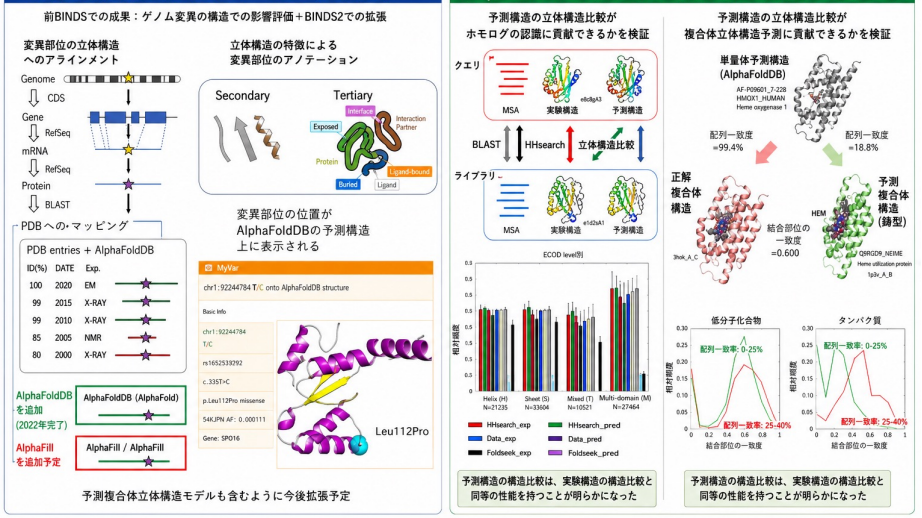
5. ゲノム情報付きヒト細胞での支援

2026年7月1日現在
不死化B細胞5,434人分
増殖T細胞5,709人分
樹立済み
単核球も提供可能

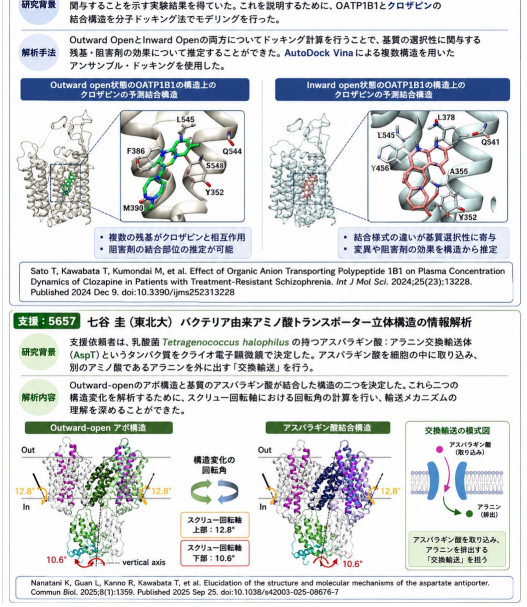


6. 既存DBの高度化と支援

［高度化］変異のタンパク質立体構造による評価 ＋ AlphaFoldDBを用いた立体構造比較による複合体構造の予測



Kawabata T, Kinoshita K. Assessing Structural Classification Using AlphaFold2 Models Through ECOD-Based Comparative Analysis. Proteins. 2025;93:1571-1585. doi:10.1002/prot.26828



7. 人材育成

次世代のヒューマンバイオロジー研究を支える人材育成

データサイエンス教育と大規模ハンズオンを両輪に、クライオ電顕とスパコンを直結した実践環境で、最先端解析を使いこなせる研究者・技術者を育成する



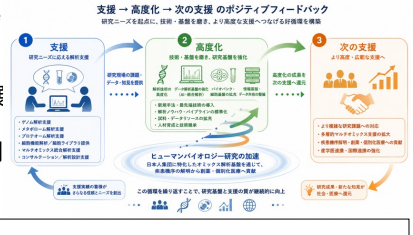
領域間連携＋人材育成として、クライオ電顕の利用もサポート

ヒット化合物創出ユニットと連携し、電子顕微鏡実習とToMMoスパコンを用いた計算機実習を組み合わせた実践的人材育成を継続支援。クライオ電顕とスパコンを直結した効率的な解析環境を構築している。



今後の発展

これまで構築してきたゲノム、メタボローム、プロテオーム、細胞解析等の基盤をさらに高度化するとともに、**支援を通じて得られた研究現場のニーズを新たな技術開発へ還元し、その成果を再び支援へ展開する好循環を一層強化する。**特に、需要が高まっているプロテオーム解析や、バイオバンク試料を活用したiPS細胞・免疫細胞等の機能解析を拡充するとともに、難読領域を含むゲノム解析、立体構造に基づく変異解釈、AIを活用した単一細胞・マルチオミックス統合解析を発展させる。これらを有機的に連携させることで、**日本人集団に特徴的な遺伝的多様性から分子・細胞レベルの機能、疾患表現型までをつなぐヒューマンバイオロジー研究基盤の構築を進め、疾患機序の解明から創薬・個別化医療への展開を幅広く支援する。**さらに、外部機関との連携や人材育成、研究開始時のコンサルテーションを充実させ、研究成果の創出を持続的に支える基盤へと発展させる。



COIの開示（本研究に関して開示すべきCOIはありません）