

細胞分子工学研究部門のミッション

「健康長寿社会の実現に向けた最先端技術を社会に提供する」



主要な研究開発技術

1. 核酸やタンパク質、糖鎖修飾等の各種生体オミクス情報の高度解析技術
2. がんなどに対する疾患マーカーの同定とその早期検出技術
3. 再生医療に重要な幹細胞操作や品質管理技術、それを応用した創薬支援デバイス作成技術
4. 新たな創薬モダリティと期待される天然化合物の探索と新規生産技術、機能性食品や機能性成分探索と評価技術
5. 細胞や臓器を操るバイオマテリアル開発
6. 個別化医療や創薬支援につながる大容量バイオデータベースとその利活用

細胞分子工学研究部門（臨海副都心センター）の概要

ともに挑む。つぎを創る。

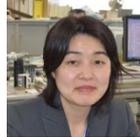


研究部門長
戸井基道

常勤研究員63名
(2024/9/1現在)



副研究部門長
中島信孝



副研究部門長
沓掛磨也子



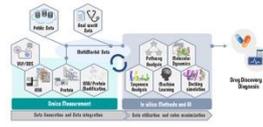
総括研究主幹
中村史



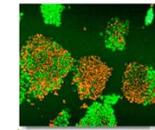
首席研究員
ワダワレヌー・
夏目徹



臨海センター 2グループ, 研究員16名



つくばセンター 6グループ, 研究員47名

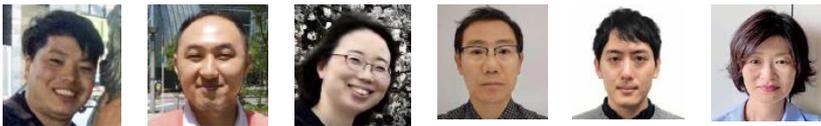


最先端バイオ技術探求G

生合成遺伝子を用いた天然化合物生産とスクリーニング

生物データサイエンスRG

AIやビッグデータを用いたマルチモーダルデータ解析技術



分子細胞マルチオミクスRG

糖タンパク質を含むマルチオミクス解析・利用技術

分子機能応用RG

細胞を制御する光応答性ポリマーや糖鎖の応用技術

ステムセルバイオテクノロジーRG

幹細胞誘導や生体システムの生体外再構築法

多細胞システム制御RG

幹細胞品質管理やシングルセル糖鎖・遺伝子解析技術

食健康機能RG

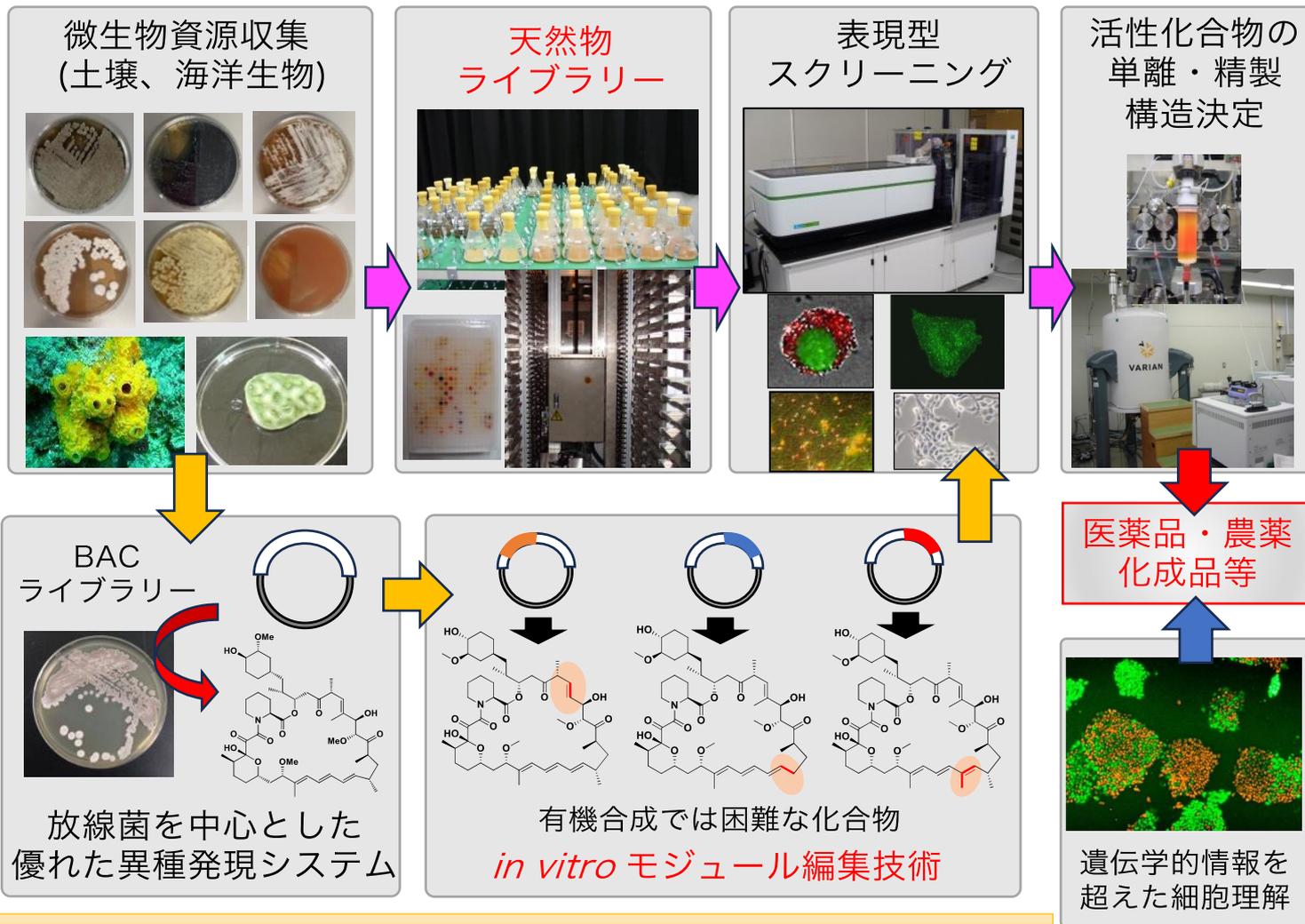
食品成分等の天然化合物による健康機能性評価技術

AIST-INDIA機能性資源連携研究室

抗がん・抗老化メカニズムと機能性成分評価技術開発

最先端バイオ技術探求グループ

世界最大級の天然化合物ライブラリーを用いた創薬スクリーニング



天然化合物の安定な生産と構造のファインチューニング

最先端バイオ技術探求グループ

■最先端バイオ技術探求グループ

臨海副都心センター



末永 光

SUENAGA Hikaru

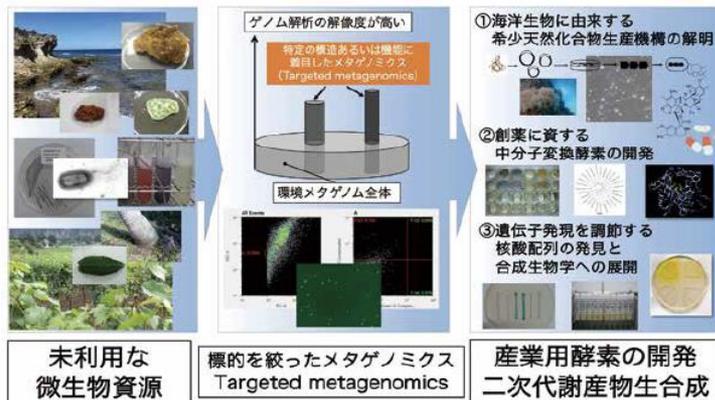
研究グループ長

研究テーマ

メタゲノミクスを活用した微生物遺伝子資源の開発
微生物二次代謝産物の生合成機構の解明
微生物宿主によるバイオものづくり

研究内容

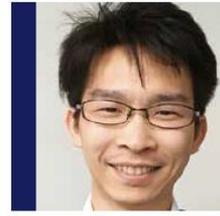
環境中には人類が未だ利用できていない微生物遺伝子資源が豊富に存在しています。様々な環境試料の中から、ゲノム情報・化合物解析・生理活性などの指標を手がかりに、解析対象を絞り込んだメタゲノミクス (Targeted Metagenomics) により、目的の微生物や遺伝子を探査し、産業応用まで展開します。



- ① 微生物資源ライブラリー化、発酵技術、遺伝子資源、天然化合物、創薬スクリーニング
- ② 微生物・遺伝子資源探索、機能性物質生産、創薬開発支援

■最先端バイオ技術探求グループ

臨海副都心センター



工藤 慧

KUDO Kei

研究員

研究テーマ

ゲノム編集による化合物デザイン技術の開発
希少有用天然化合物の安定的発酵生産の実現
発現解析による産業有用酵素の迅速同定

研究内容

微生物の有する生合成遺伝子は、人知を超えた多様性によって数多くの有用物質を生み出します。それら生合成遺伝子を人工的に機能改変し、新規有用物質のデザインや、天然では貴重な化合物の安定的供給を実現します。また産業上価値のある酵素遺伝子の迅速な同定技術によって化合物開発を促進します。



- ① 遺伝子資源、二次代謝産物、宿主改変、天然化合物、ゲノム編集
- ② 微生物・遺伝子資源探索、バイオものづくり、創薬開発支援、機能性生体分子探索、遺伝子発現解析・制御

■最先端バイオ技術探求グループ

臨海副都心センター



小林 慎

KOBAYASHI Shin

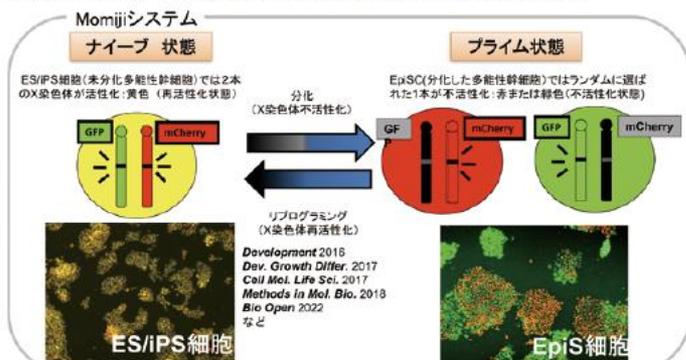
主任研究員

研究テーマ

哺乳類初期発生におけるエピジェネティクス制御の研究
X染色体再活性化ライプイメーシング技術を用いた幹細胞研究
非膜構造体の網羅的同定から疾患発症を理解する

研究内容

哺乳類の雌に見られるエピジェネティックな現象である「X染色体の不活性化」に注目し、その制御機構、生物学的意義、ヒト疾患との関連、および細胞の未分化・分化とエピジェネティクスの関係性を明らかにすることを目的としています。独自に開発したライプイメーシングシステム(Momiji マウス)を始めとする遺伝子組換えマウス・細胞などを用い、課題に取り組んでいます。その成果を再生医療、ヒト疾患診断、治療、創薬に役立てたいと考えています。



説明: 2本のX染色体に、赤と緑の蛍光タンパク質レポーター遺伝子を挿入した。未分化状態の異なる2種の多能性幹細胞(ナープ状態とプライム状態)を、蛍光色の違い(黄色と、赤ないし緑色)で区別することが初めて可能になった。細胞を生かしたまま、エピジェネティクスの状態を可視化することに成功。リプログラミングを含めた幹細胞研究やエピジェネティクス制御の理解を深めるツールとして活用。

- 🔍 エピジェネティクス、幹細胞、改変細胞、細胞培養、疾患モデル動物
- 🔗 遺伝子発現解析・制御、再生医療・細胞治療、疾患モデル

■最先端バイオ技術探求グループ

臨海副都心センター



宮古 圭

MIYAKO Kei

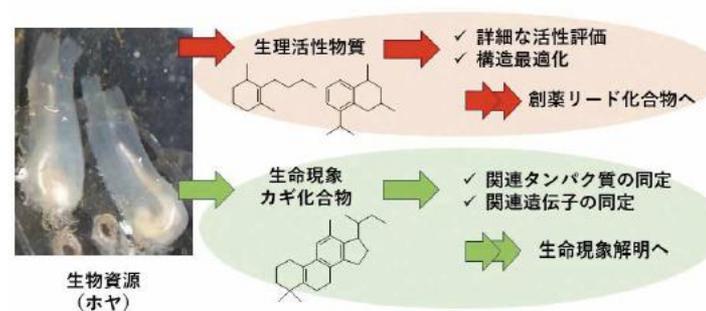
研究員

研究テーマ

天然物スクリーニングによる創薬リード化合物の探索
バイオものづくりによる有用化合物生産
二次代謝産物の生物学的意義とその応用

研究内容

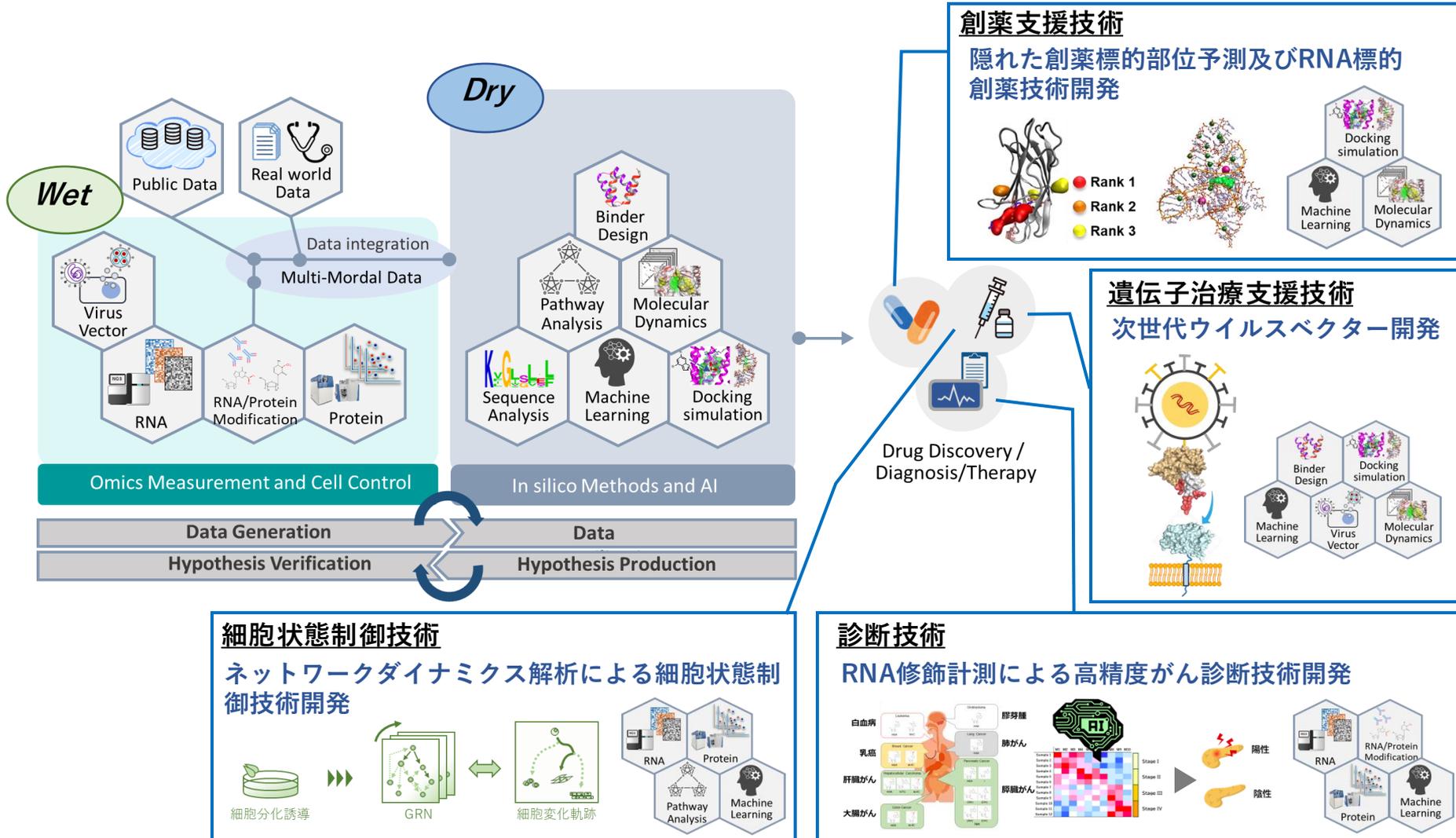
未知化合物の精製・同定技術を用いて、天然資源に含まれる生理活性物質をはじめとした有用な化合物の探索を行っています。また、生物が持つ巧みな生命現象システムを模倣した社会課題解決に向けた技術開発を目指し、未知生命現象のカギとなる二次代謝産物の探索と生物学的機能およびメカニズムの解明を行います。



- 🔍 天然化合物、シーズ探索
- 🔗 創薬開発支援

生物データサイエンス研究グループ

ウェット研究とドライ研究のシナジー（独自の計測・産生法で得られたオミクス情報や治療モダリティの理論計算・情報解析技術による高度化）により、創薬・診断・治療をブーストする技術を開発



生物データサイエンス研究グループ

■生物データサイエンス研究グループ

臨海副都心センター



今井 賢一郎

IMAI Kenichiro

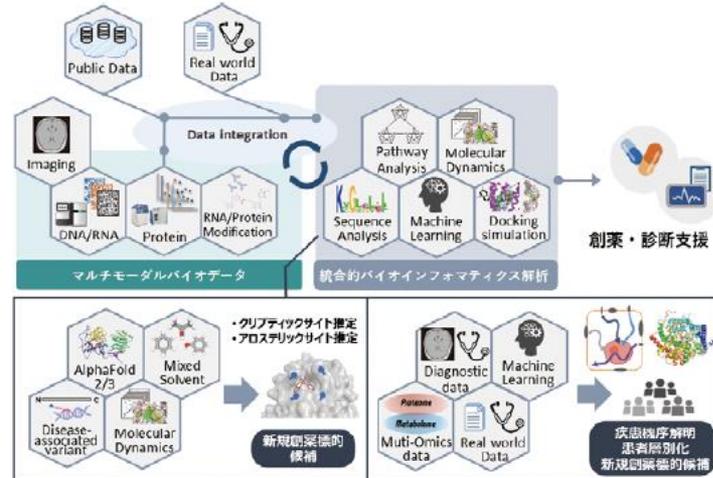
研究グループ長

研究テーマ

マルチモーダルバイオデータの統合解析による創薬・診断支援技術開発
クリプティックサイト予測による新規創薬標的探索
マルチモーダルバイオデータ解析による患者層別化

研究内容

マルチモーダルなバイオデータを活用した、創薬支援技術の開発を行っています。例えば、疾患関連変異情報、構造予測データ、分子動力学計算データの統合解析に基づくクリプティックサイト・アロステリックサイト予測や、オミクスデータとリアルワールドデータの統合解析による新規創薬標的の探索やを行っています。



- 📍 分子標的探索、オミクス解析、シミュレーション、生体ビッグデータ、構造予測
- 🔧 バイオインフォマティクス

■生物データサイエンス研究グループ

臨海副都心センター



鍵和田 晴美

KAGIWADA Harumi

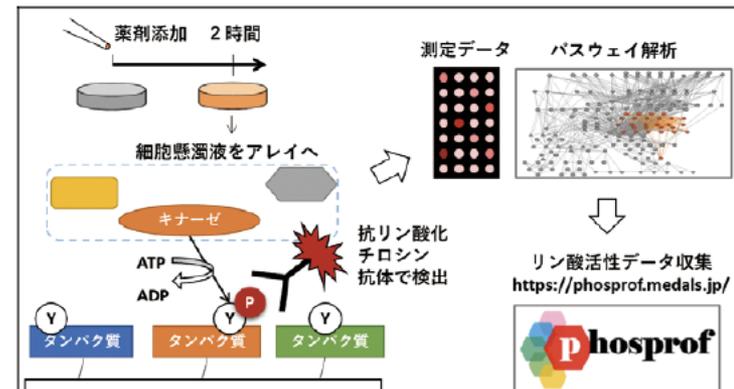
主任研究員

研究テーマ

リン酸化活性プロファイリング測定系の構築
リン酸化活性を用いた細胞応答の解析
シグナル伝達活性のパスウェイ解析

研究内容

細胞は、正常細胞とがん細胞などそれぞれの性質により、外部からの刺激に対する細胞内応答（シグナル）が異なります。このシグナルの多くはリン酸化経路によって伝えられます。どのリン酸化経路が活性化しているか、を特定することで、細胞変化の分子機序、ひいては疾患要因や薬効機序の解明に貢献することを目指します。また、リン酸化活性変化を基にした細胞応答プロファイルをまとめたデータベースを公開しています。



- 📍 創薬スクリーニング、製造インフラ・品質管理、疾患メカニズム解明
- 🔧 創薬開発支援、分子機能計測・解析

■生物データサイエンス研究グループ

臨海副都心センター

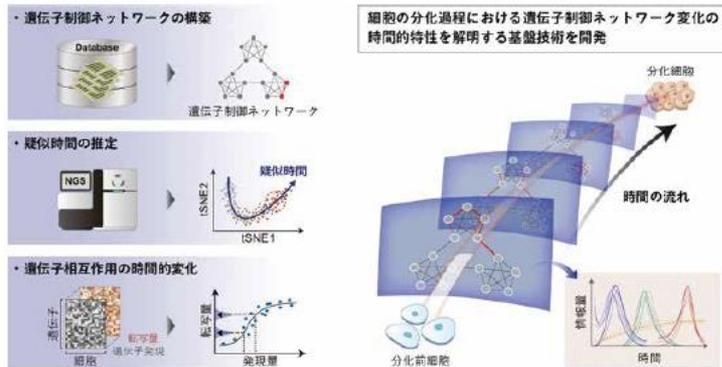


研究テーマ

核酸アナログ標識技術による細胞内 RNA の挙動解析
 遺伝子制御ネットワークの動的特性解析
 データ統合による生体応答ネットワークの構築

研究内容

細胞内制御ネットワークは、細胞状態に伴い変化する動的ネットワークです。一細胞レベルでの分子計測と情報理論の枠組みを統合することで、細胞内制御ネットワークの動的特性を解明する手法の開発を行います。ネットワーク変化の観点から、細胞の状態変化における分子機序を理解し、ひいては新たな産業の創出を目指します。



- 🔍 システムバイオロジー、オミクス解析、ネットワーク解析
- 🔍 バイオインフォマティクス

■生物データサイエンス研究グループ

臨海副都心センター

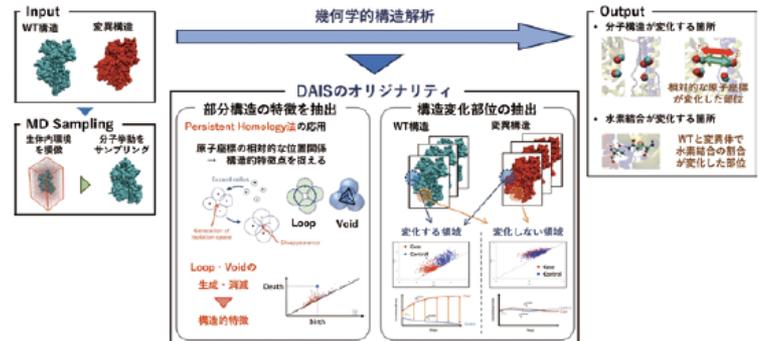


研究テーマ

分子構造変化と機能変化に関する理論的アプローチによる予測・解析
 創薬支援のための手法開発
 機能性タンパク質の構造設計

研究内容

アミノ酸変異や修飾基の付加といった『部分的で小さな構造の変化』や『対象分子周辺の環境変化』によってもたらされる、分子全体の熱力学的な挙動変化や機能変化を予測・観測できる手法を開発しています。中でも最近では、実験的にも既存の AI 手法でも予測が困難である隠れた創薬標的部位や機能部位の予測を目指しています。



- 🔍 シミュレーション、構造予測、創薬スクリーニング
- 🔍 バイオインフォマティクス

生物データサイエンス研究グループ

■生物データサイエンス研究グループ

臨海副都心センター



今野 雅允

KONNO Masamitsu 主任研究員

研究テーマ

オミクス修飾を利用した疾患新規診断、治療法の開発
RNA 修飾計測技術の開発
生体制御修飾因子の機能解明と実用化

研究内容

RNA 修飾は様々な疾患で変化していることが知られています。RNA を中心としたオミクスの修飾情報を計測する新規技術の開発を進めています。また、この技術を用いて計測したオミクスの修飾情報解析を進め、がんをはじめとした様々な疾患の早期診断技術開発、新規治療法開発に取り組んでいます。

リキッドバイオプシーからRNA修飾情報を取得し
疾患の早期診断・治療を実現する



- ⑨ がん、オミクス解析、未病診断、疾患メカニズム解明、エピジェネティクス
- ⑩ バイオインフォマティクス、診断・バイオマーカー、分子機能計測・解析、遺伝子発現解析・制御

■生物データサイエンス研究グループ

臨海副都心センター



福西 快文

FUKUNISHI Yoshifumi 主任研究員

研究テーマ

RNA- 薬物ドッキング・スクリーニング
核酸・核酸複合体シミュレーション
計算化学

研究内容

RNA など新規創薬モデルは、立体構造と分子運動が機能に重要ですが、動的な創薬モデル用の計算ツールは十分ではありません。私たちは国内 40 社以上の製薬・IT 企業と計算技術を共同開発し創薬ソフトウェア群 myPresto に実装し、生体での分子認識・機能を解明する理論的ツールの開発を行います。

創薬支援ソフトウェア : 薬物探索・薬物分子設計用ソフトウェア

- 化合物データベース+パーソナルDB作成ソフト
- ポータルGUI・物性・合成容易性予測
- 分子シミュレーション・薬物結合サイト予測
- 薬物ドッキング・スクリーニング・活性予測
QSAR~厳密解法まで

- ⑨ シミュレーション、ソフトウェア、バーチャルスクリーニング、低分子医薬、中分子医薬：核酸・ペプチド
- ⑩ バイオインフォマティクス、創薬開発支援

生物データサイエンス研究グループ

■生物データサイエンス研究グループ

臨海副都心センター



前田 史雄

MAEDA Fumio

研究員

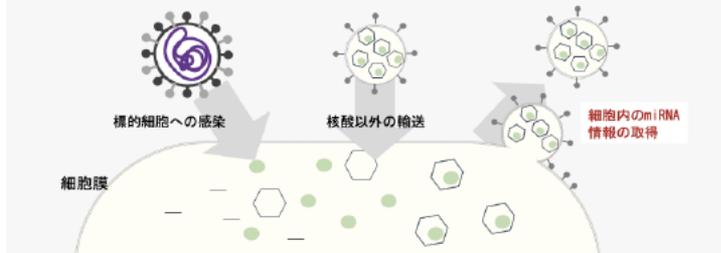
研究テーマ

細胞標的化ヘルペスウイルスベクターの開発
細胞間の任意の物質輸送技術の開発
非破壊で細胞内情報を取得する技術の開発

研究内容

ヘルペスウイルス (HSV) ベクターは、最大 150kbp もの外來遺伝子の積載、細胞表面分子特異的な感染を特徴とします。細胞標的化能の最適化および細胞外小胞 (EVs) 産生遺伝子の搭載により、EVs による非破壊の情報取得、または細胞間物質輸送を可能にするシステムを確立し、新規治療・診断技術の開発を目指します。

1. 細胞標的化ヘルペスウイルスベクターの開発
2. 細胞間の任意の物質輸送技術の開発
3. 非破壊で細胞内情報を取得する技術の開発



ウイルスの能力を利用することにより、早期診断やドラッグデリバリーの課題解決を目指す

- ① ウイルスベクター、感染症、ドラッグデリバリーシステム (DDS)
- ② 遺伝子発現解析・制御、診断・バイオマーカー、創薬開発支援

■生体分子情報解析班

臨海副都心センター



本野 千恵

MOTONO Chie

主任研究員、
研究グループ付 (兼)
(細胞分子工学 RI)

研究テーマ

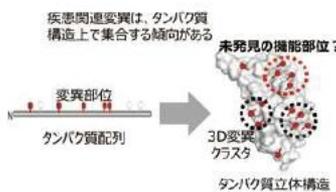
分子動力学 (MD) 計算を用いた疾患メカニズム解明と創薬支援
疾患関連変異情報を利用した新規創薬標的探索法の構築
実験と AI によるタンパク質高生産の基盤技術開発

研究内容

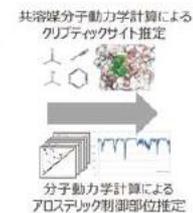
MD 計算やバイオインフォマティクスを用い、実験系と共同で、疾患の分子メカニズム、結合化合物や結合経路を解明しています。疾患関連変異をタンパク質の立体構造上でクラスタ化し、それに基づき未発見の機能部位の網羅的探索法を開発しています。タンパク質高生産のために、実験と AI を融合した技術開発をしています。

新規の機能部位を予測する技術開発

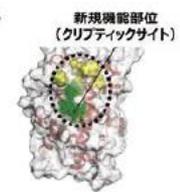
疾患関連変異をタンパク質立体構造へマップ、クラスタリング



分子動力学計算や配列解析を用いた機能部位予測



新規創薬標的候補導出



- ① 構造予測、シミュレーション、分子機能予測、バーチャルスクリーニング、酵素タンパク質高生産
- ② バイオインフォマティクス、バイオものづくり