



センター・オブ・イノベーション (COI) プログラム  
 東北大学 さりげないセンシングと日常人間ドックで実現する自助と共助の社会創生拠点  
 COI STREAM 構造化チーム「若手人材の活躍促進・支援活動」

## 若手研究者の熱意とアイデアで実現 ウィズコロナ時代の新しい学会の形

研究者が自分の研究成果を発表する大事な機会の1つが「学会」です。新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の拡大により実際に集まることが難しい中、7月2日 (木)～3日 (金)に「第3回COI学術交流会」がオンラインで開催されました。

全国に18あるCOI拠点では、ライフサイエンス、情報通信、ものづくりなど幅広い分野の研究開発が推進されています。COI学術交流会は、COIに参画するさまざまな分野の研究者が自分の研究内容を紹介し、異分野融合と人材交流を図ることを目的としています。実際に、この学会をきっかけに異分野の研究者同士が知り合い、新しい共同研究が生まれています。

学会の企画・運営は、各拠点の若手の

研究者と研究の推進を支援するリサーチ・アドミニストレーター (URA) の有志が持ち回りで担当します。今回主催した東北大学COI 拠点は、「これまでに生まれたつながりをもっと広げたい。対面での交流は難しくても、オンラインだからこそできることがあるはず」という強い熱意のもと、開催に踏み切りました。

オンライン開催の目玉はアプリを使ったポスターセッションで、会場内を歩き回って立ち話をしたり、議論を交わしたりといった学会の醍醐味が再現されています (図1)。実行委員長を務めた東北大学の甲斐洋行助教が開発し、大勢の参加者が同時に会場を訪れてもうまく動作するようテストと改良を重ねてきました。当日は約

180人が参加し、62件のポスターについての議論が予定の時間いっぱいまで盛り上がりました。

また、オンライン会議システムを使ったトークセッションでは、拠点を率いるプロジェクトリーダー (PL)、研究リーダーや、人材育成を含む拠点横断的な活動を支援する構造化チームの研究者が、将来を担う若手に向けて期待を込めたメッセージを伝えました (図2)。

場所を選ばずに参加できることから予想以上に大規模なイベントになりましたが、実行委員が抜群のチームワークで運営し、大きなトラブルなく終えることができました (図3)。ウィズコロナ時代の新しい学会の形としても注目されています。



図1 ポスターセッションでは、ロールプレイングゲームのように会場を動き回ることができ、気になるポスター (番号の書かれた看板) に近づくと内容が大きく表示される (左)。チャット機能を使ってポスター発表者に質問やコメントができる他、周りの人も意見交換できる (下、右)。



図2 トークセッションではリラックスした雰囲気の中、「新しい社会を創る側として貢献を」「イノベーションを興してほしい」といった期待が若手研究者に寄せられた。



図3 東北大学での学会運営の様子。ポスターセッションアプリを開発した甲斐助教 (左奥) や担当者が真剣にモニターを見つめる。(撮影時のみ、マスクを外しています。)



戦略的創造研究推進事業 AIP加速研究  
 研究課題「創薬標的分子の確からしさを検証するツール物質の探索」

## 病気の類似性を評価する新手法 創薬標的分子や治療薬を探索へ

副作用が少なく、症状をしっかり抑える効果的な医薬品を開発するには、創薬標的分子やその制御化合物を見つけることが重要な課題です。一般的に、個人ごとに病気のかかりやすさ、薬の効きやすさ、副作用の起こりやすさなどの違いを表現型として区別しています。しかし異なる病気間でも分子の特徴が共通する場合があります。これまで創薬標的分子を見つけるためには、治療したい病気だけに焦点を当てデータを収集し、健康な人と比較していました。しかし、創薬標的候補となる生体分子は非常に多く、有効な分子を選ぶのは困難でした。

九州工業大学大学院情報工学研究科の山西芳裕教授らは、複数の病気の関係性も考慮することで、創薬標的分子を効率的に探索することに着目しました。

まず、がん、神経変性疾患、呼吸器系疾患など、79種類の病気について、患者の遺伝子発現データ (オミックスデータ) から病気の特徴付ける分子群を抽出しました。そして、それぞれの病気の特徴付ける生体分子相互作用ネットワークの比較から、異なる病気間の潜在的な関係性を見出すという概念を提唱し、病気の類似性を評価する新しい方法を提案しました。さらに、さまざまな病気に関与する分子ネットワークの情報と創薬標的分子や治療薬の情報の相関関係をモデル化し、病気の類似性に基づき、病気に対して創薬標的分子や治療薬候補を探索する機械学習手法を開発しました (図1・2)。その結果、予測精度の指標の1つで実用する上で重要となる再現率5パーセント時点の適合率を検証し

たところ、従来の手法より最大3倍向上していることが確認できました。開発した機械学習手法は創薬標的分子や治療薬の探索だけでなく、病気の仕組みの解明や薬の効果の予測などが期待されます。「今後は他のオミッ



クスデータや臨床データを融合することにより、創薬標的分子や治療薬の探索精度をさらに高め、医薬品の開発に貢献していきたい」と山西教授。医療の未来を大きく変えるに違いありません。

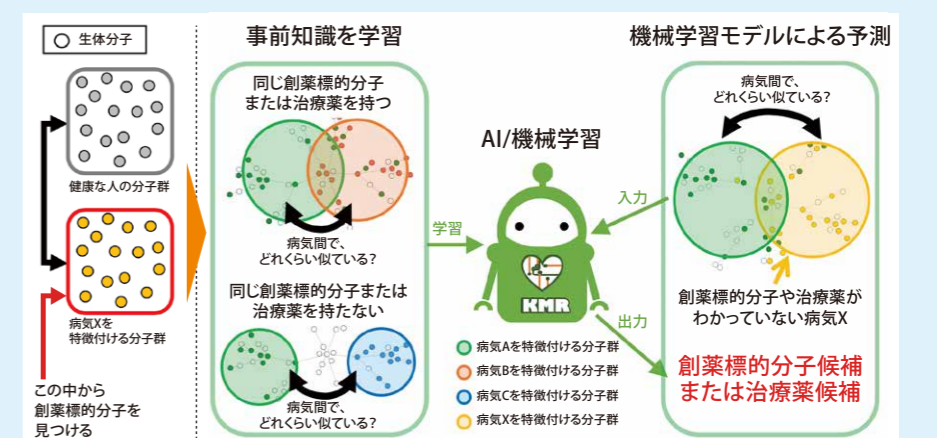


図1 これまでの医薬品開発では、注目する病気のデータを精査し、創薬標的分子や治療薬を探索する方法が主だったが、探索空間が広いという問題があった (左)。そこで、さまざまな病気のデータや分子間相互作用ネットワークの融合解析を行い、似ている病気の創薬標的分子や治療薬の知識を事前に学習させることで探索を容易にした (右)。

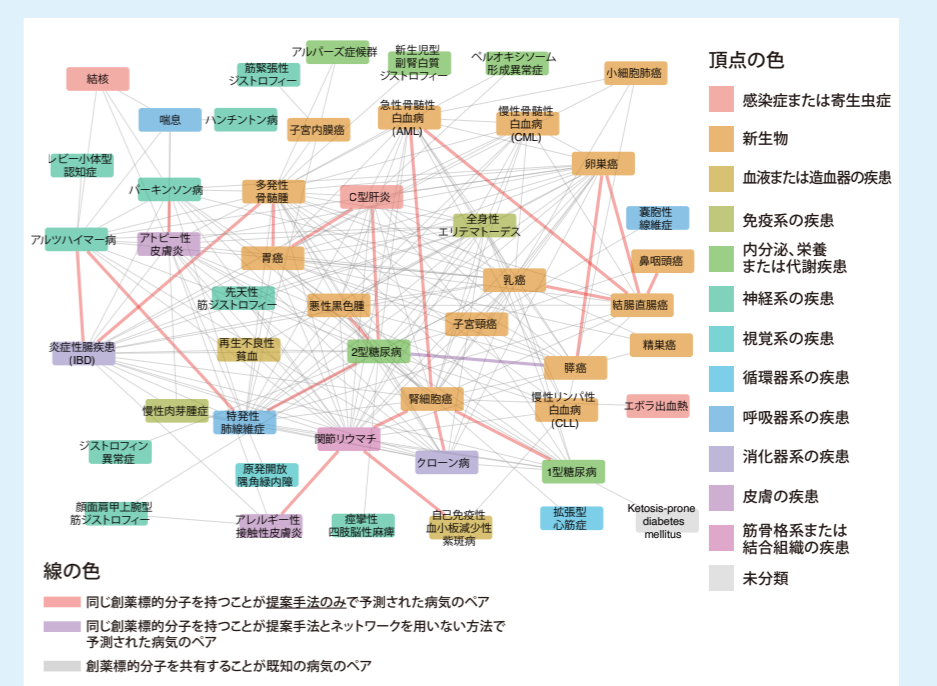


図2 生体分子間相互作用ネットワークの1つである酵素-基質ネットワークを用いて、創薬標的分子を共有すると予測された病気間の関係性を示している。