



I N G E M

Tohoku University Advanced Research Center
for Innovations in Next-Generation Medicine

東北大学 未来型医療創成センター



東北大学 未来型医療創成センター

I N G E M Tohoku University Advanced Research Center for Innovations in Next-Generation Medicine

Contents

センター長ご挨拶 ————— 3

理念と沿革 ————— 4

参画部局と組織図 ————— 5

一目でわかるINGEM ————— 6

主な設備 ————— 8

今後の展望 ————— 9

活動と成果

 基礎研究部門 ————— 10

 臨床応用研究部門 ————— 12

主な論文成果 ————— 14

アクセス ————— 15

センター長ご挨拶



未来型医療の発展を期して

東北大学 未来型医療創成センター センター長

本橋 ほづみ

東北大学が、世界トップレベル研究拠点の一つとして未来型医療創成拠点を定め、その中心組織として未来型医療創成センターを設立して、5年目を迎えました。当センター設立にあたり尽力された山本雅之先生、参画部局間の連携を強めクリニカルバイオバンクを飛躍的に発展された八重樫伸生先生の後を受けて、3代目のセンター長を2023年4月に拝命しました。副センター長の木下賢吾先生、石井直人先生と協力して、『遺伝要因、環境要因および疾病の関係性の解明に関する世界最高水準の研究とその成果の臨床実装並びに教育を行う』というミッションを継続し、一人ひとりにあった医療・予防を実現するために研究・教育に邁進してまいります。

当センターは、世界でも有数の15万人規模の複合バイオバンクを持つ東北メディカル・メガバンク機構の蓄積・経験をもとに、東北大学病院の患者さま由来の試料・情報を先端的な研究のために幅広く利活用するクリニカルバイオバンクを構築し、すでに検体を扱う診療科のほぼすべてが参画する全国有数の基盤として発展してきました。私たちはこれからこの基盤をもとに、そのスムーズな運用・活用システムを構築し、東北大学病院や医学系研究科、歯学研究科、薬学研究科、工学研究科、情報科学研究科、生命科学研究科、医工学研究科、加齢医学研究所そして東北メディカル・メガバンク機構の10部局が連携し、東北大学の英知と総力を結集して、世界に伍する研究成果を輩出し、多数の人々に裨益する社会実装を実現していかないと考えています。

蓄積してきた膨大な試料・情報をもとに、多様な分野の研究者が協力して新たな価値を見出し、世界をリードする拠点形成に邁進いたします。多くの皆様のご支援・ご指導をどうかよろしくお願い申し上げます。

理念と沿革

未来型医療創成センター（INGEM）は、多くの患者さんからご協力いただいた検体や情報をもとに最先端のゲノム・オミックス解析、ビッグデータ解析を進め、一人ひとりにあった医療・予防を実現します。

理念

東北大学が指定国立大学として標榜する創造と変革を先導する世界的な研究拠点として、「未来型医療拠点」を形成し、その中心的な役割を担う組織として2018年3月に未来型医療創成センター（INGEM）を設立しました。

INGEMは、ゲノム医学を中核に基礎生命科学および情報科学等の卓越した研究力を結集した拠点として、ゲノム・オミックス情報と、その他の生体情報および臨床情報を活用し人工知能を含むデータ科学に基づく研究、そして遺伝要因・環境要因と疾病の関係性の解明に関する研究、およびその成果の臨床実装を推進していきます。また、これらに関わる人材育成を行い、もって個別化医療・個別化予防を柱とする未来型医療の実現に資することを目的としています。



センター長

本橋 ほづみ

東北大学 加齢医学研究所 副所長
東北大学 加齢医学研究所 加齢制御研究部門 遺伝子発現制御分野 教授



副センター長

木下 賢吾

東北大学 東北メディカル・メガバンク機構 副機構長
東北大学大学院 情報科学研究科 生命情報システム科学分野 教授



石井 直人

東北大学大学院 医学系研究科長・医学部長
東北大学大学院 医学系研究科 病理病態学講座 免疫学分野 教授



センター長特別顧問

張替 秀郎

東北大学病院 病院長
東北大学大学院 医学系研究科 内科病態学講座 血液内科学分野 教授



山本 雅之

東北大学 東北メディカル・メガバンク機構 機構長
東北大学 東北メディカル・メガバンク機構 ゲノム解析部門 分子医化学分野 教授

沿革

2012年 2月	東北メディカル・メガバンク機構（ToMMo）設立	2019年 10月	バイオバンク横断検索システムの公開
2015年 2月	吉村しげを氏の遺贈	2020年 1月	日本人基準ゲノムJG1構築で高山順助教が「第3回AMED理事長賞」を受賞
2017年 4月	東北大学病院に個別化医療センター設立	4月	ビッグデータメディシン拠点（BDMC）をINGEM内に再編
6月	東北大学が指定国立大学へ指定	2021年 3月	基礎研究部門に生体高分子構造解析グループを新設
9月	創造と変革を先導する世界トップレベル研究拠点として、未来型医療研究拠点を設立	4月	工学研究科、生命科学研究科が新たに参画し、10部局が連携
2018年 2月	東北大学病院が、がんゲノム医療中核拠点病院に指定	9月	クライオ専用300kV透過型電子顕微鏡の利用開始
3月	未来型医療創成センター（INGEM）を設立		
2019年 2月	「日本人基準ゲノム配列」初版JG1の公開		

参画部局と組織図

INGEMは、10部局が参画し、卓越した研究力を結集し、未来型医療拠点の構築を目指しています。

また、重要事項を審議する運営委員会、9グループからなる研究部、企画立案等を行う企画推進部門等が、以下の図のように構成されます。

参画部局

- 東北大学病院
- 東北大学大学院 医学系研究科
- 東北大学大学院 歯学研究科
- 東北大学大学院 薬学研究科
- 東北大学大学院 工学研究科
- 東北大学大学院 情報科学研究科
- 東北大学大学院 生命科学研究科
- 東北大学大学院 医工学研究科
- 東北大学 加齢医学研究所
- 東北大学 東北メディカル・メガバンク機構

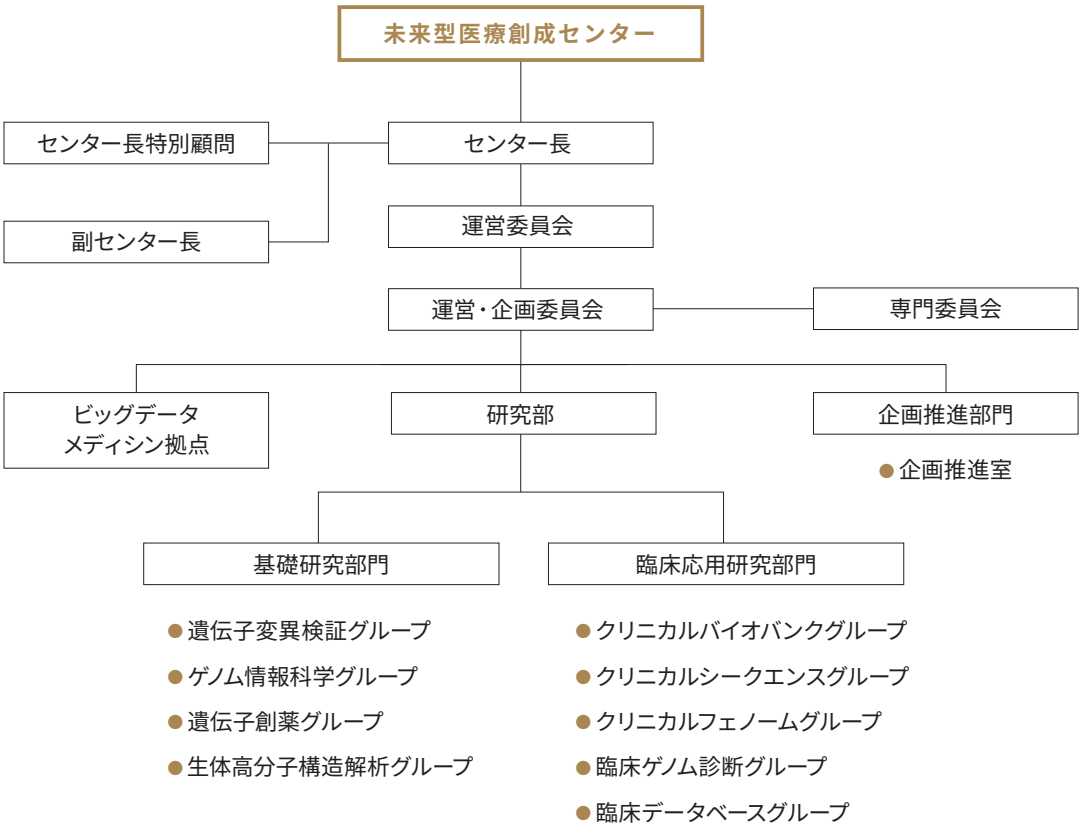
ロゴマーク

8角形は設立当時の8つの参画部局を、ゴールドの輪は組織が掲げる理念と目標を表します。この2つの図形は、互いに支えあい成功に導くことを、また地域社会と共に歩み、理念・目標を実現しようと進むことも意味しています。

2021年4月から新たに2部局が参画、計10部局からなる強力な運営体制となりました。設立当時のシンボルマークに込めた思いはそのままに、歩んでまいります。

※INGEMの名称およびロゴマークは、日本における国立大学法人東北大学の登録商標です。

組織図



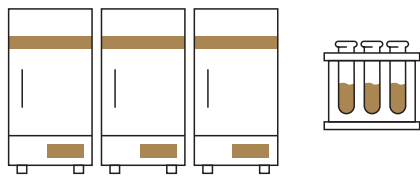
一目でわかるINGEM

INGEMが目指すのは、個々人のゲノム情報に基づく個別化医療を実現し、その人にあった健康メニューを提供できる社会です。
多部署にまたがる連携を軸として、多様な解析やデータベース化等により、将来の研究・臨床につなげる取り組みを行なっています。

未来型医療創成センター

検体を処理・分注・保管

臨床バイオバンクグループ



大学病院で取得された貴重な検体を、将来の利用に備えて体系的に保管します。

ゲノム・オミックス解析

臨床シーケンスグループ
臨床フェノームグループ



バイオバンク検体に高精度のゲノム・オミックス解析を行い、大規模データを構築します。

バイオインフォマティクス解析

ゲノム情報科学グループ



解析で得られた遺伝子の微細な違いと、疾患や薬剤の効果との相関を、計算機上で検証します。

最先端研究

個別化薬物療法・PGx解析

遺伝子創薬グループ

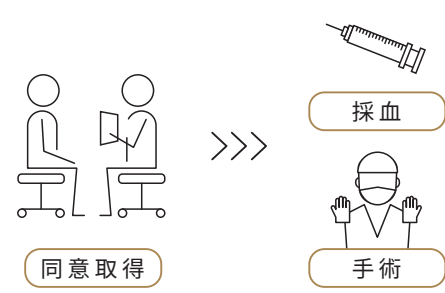
遺伝子変異の実験的機能検証・基礎研究

遺伝子変異検証グループ



がん患者の方から取得された検体の解析データを利活用して、実際の治療に活かします。

臨床バイオバンク・臨床シーケンスを可能にした同意取得

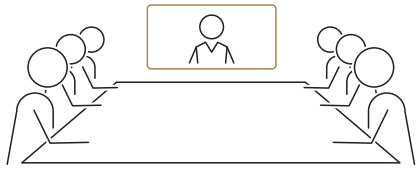


診療現場からの検体や情報が、将来の研究に役立つように説明し、同意を得ます。

最先端研究

がんゲノム・オミックス診断パネルの構築

臨床ゲノム診断グループ



大規模な解析データを詳細で豊富な臨床データと統合的に解析します。

臨床応用

臨床、ゲノム・オミックスデータの統合、管理

臨床データベースグループ



臨床現場から、解析研究から、それぞれ得られた情報を統合してデータベース化します。

クライオ電顕等による立体構造解析

生体高分子構造解析グループ



生体内で重要な役割を担っている分子を、高性能な顕微鏡が解析します。

東北大学病院個別化医療センター

患者に還元、データを蓄積、研究開発にフィードバック



主な設備

INGEMでは、未来型医療を実践するための専門的な設備や装置を保有しています。最新鋭の電子顕微鏡や、病院と連携したクリニカルバイオバンクは、新たな産学連携事業や共同研究の展開にご活用いただけます。

クライオ専用 300kV 透過型電子顕微鏡（CRYO ARM™ 300Ⅱ、日本電子㈱）



東北では初めての導入となるクライオ専用300kV透過型電子顕微鏡が東北メディカル・メガバンク棟内に設置され、INGEMが運用しています。これまでに、リボソームをはじめ様々なタンパク質の分子構造を世界最高レベルの約2-4Åの分解能で明らかにしました。また、メガバンク棟内に設置されたスーパーコンピュータ上の解析環境も利用できます。

本装置は、学外の企業・研究機関等からの利活用も積極的に受け入れ、すでに20件以上の研究開発で成果をあげています。東北での多様な生体高分子の構造解析を可能にし、構造情報に基づく疾患発症メカニズムの解明や創薬の実現が期待されます。



クリニカルバイオバンク

INGEMと東北大学病院個別化医療センターは、クリニカルバイオバンクを設立し共に運用しています。東北大学病院の診療の際、患者さんの同意取得後に得られた血液等の貴重な生体試料を-80℃の超低温フリーザー等で適切な管理のもと保管し、将来の医療のための研究や患者さんの治療に役立てています。

29診療科の協力のもと、延べ1.5万症例、3万検体を超える生体試料を収集し、これまで250件を超える出庫依頼に対応し、延べ7,000検体以上の試料を様々な研究に活用いただいています（2023年6月末時点）。今後も東北大学病院との連携のもと、多様な生体試料の収集、利活用を進めていきます。

2023年6月末までの試料収集状況

血液検体：約20,000本
組織検体：約7,800本
尿検体：約1,000本
骨髄液単核球・末梢血単核球：約 70 本
口腔内検体：約1,400本
Liquid Biopsy：約500本

など



今後の展望

未来型医療創成センターが将来に向けて目指しているのは、1) 世界最高水準の未来型医療基盤の展開、2) 未来型医療実現で活躍する人材育成、そして、3) 未来型医療の実践です。



INGEMが主催した日仏国際シンポジウム（2018年）



高山順助教が「第3回 AMED 理事長賞」を受賞（2020年）



クライオ専用 300kV 透過型電子顕微鏡の本格稼働（2021年）

1) 世界最高水準の未来型医療基盤の展開

INGEMは、世界最高水準の未来型医療基盤を広く展開するために、①研究における展開と②臨床現場における展開を行います。

まず、研究における展開では、臨床と解析をつなぐ研究のコーディネート機能を拡充し、収集した臨床検体のゲノム・オミックス解析を強力に進め複合クリニカルバイオバンク化を推進すると共に、内部利用促進と外部利用の開始を実現していきます。また、薬効・副作用の分子バイオマーカー探索、培養細胞・モデル生物作製系での検証体制の強化、モデル生物での治療方法の検討・提案体制の構築等も加速していきます。

次に、臨床現場における展開では、地域と一体となったゲノム医療プラットフォームの開発を目指します。その実現のために、AI診断支援システムの開発と高精度化、フレキシブルな分子診断システムの開発、さらに、疾患別の全ゲノムデータベースを作成し、全ゲノム解析をもとにしたがん患者への個別化医療提案や、ゲノム異常からの分子標的薬の設計・開発を行なっていく体制を構築していきます。

2) 未来型医療実現で活躍する人材育成

未来型医療基盤を着実に社会実装していくためには、それを担う多様な人材の育成を同時に進める必要があります。

以下のような必要な人材像を描き、育成するプログラム開発や体制構築を進めています。

- 医療現場と基礎研究をつなぐ研究コーディネーター、国際的な産官学連携をマネージするGlobal URA、大規模生体情報を活用できる医学研究者、ウェット解析とドライ解析の橋渡し人材
- メディカルAI専門家、ビッグデータサイエンティスト、ゲノム遺伝統計学者、構造情報を活用できる疾患研究者・創薬開発者、最新の構造解析法に精通した解析人材
- 全ゲノム情報をもとに治療提案できる医師、薬剤師系遺伝カウンセラー、医療レギュラトリー・サイエンス専門家

3) 未来型医療の実践

高度な研究により開発した未来型医療を段階的に臨床現場に活かしていく必要があります。まず、ゲノム・オミックス解析情報に依拠した、疾患リスク予測の回付と疾患予防を目指します。そして、疾患特異的代謝経路を標的とした個別化創薬や個別化がん化学療法、AIを使った全ゲノム解析からのがん分子診断・希少難病解析、さらに、ウェアラブル端末による健康管理システム・がん予防提案・高齢者の在宅管理、口腔内分子環境のコントロールによる健康増進等も対象に実現に向けた真摯な検討を進めていきます。

基礎研究部門

遺伝子変異検証グループ

主な成果

- 日本人において多型が多くみられるアレルギー疾患感受性に関わるゲノム変異マウスを作製
- 緑内障、先天性代謝異常症、血小板減少症における原因遺伝子の変異マウスを作製



iGONAD 法による疾患モデルマウス作製の様子

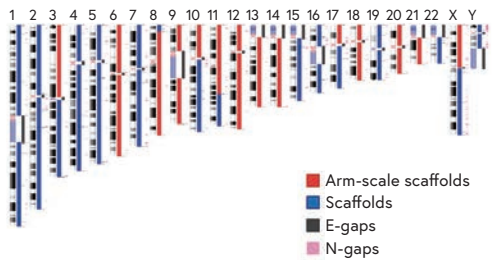
本グループは、遺伝子改変マウスの作製や解析を通して、ヒト検体で見つかった遺伝子変異や多型の生理的・病理的意義の検証を進めています。臨床医、薬剤師、臨床検査技師等、様々なバックグラウンドの研究者と意見交換しながら、研究計画の立案、ゲノム編集法による疾患モデルマウス作製、マウス解析の技術支援を実施しています。このような研究基盤技術の提供に加えて、メンバーは個別の研究テーマとして、遺伝性疾患等における複数の遺伝子変異等について機能検証を進めています。

ゲノム情報科学グループ

主な成果

- 日本人基準ゲノム配列初版 JG1 の構築についての論文を公開
- 日本人基準ゲノム配列を再構築し JG2、JG2.1 を公開

本グループでは、日本人基準ゲノム配列を用いた日本人を対象とした疾患ゲノム解析の高精度化と、データ科学・人工知能 (AI) 技術を活用した分野融合研究の促進および医用 AI 人材の育成を進めています。2019 年に日本人基準ゲノム配列初版 JG1 を公開、2020 年には解析データを大幅拡充し再構築した JG2 を公開しました。さらに 2021 年には 250Mb ほどの超難読未決定配列領域の解決に取り組み、バージョンアップした JG2.1 を構築し公開しました。また、疾患ゲノム解析に用いるための日本人基準ゲノム配列の情報リソースの整備を進めています。



日本人基準ゲノムの配列

遺伝子創薬グループ

主な成果

- 医薬品の代謝反応を従来よりも高感度で解析できる薬物代謝酵素 - 哺乳動物細胞発現系の開発に成功
- 5-FU 系抗がん剤の重篤副作用発現に影響する薬物代謝酵素 DPYD の日本人集団における遺伝的特性を解明



研究の様子

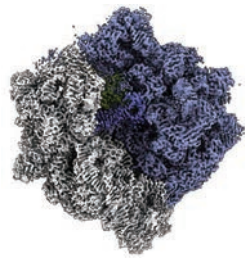
本グループは、ゲノム情報に基づく薬物動態予測パネル構築と公開を目指し、また、ファーマコゲノミクス解析を駆使した個別化薬物療法の開発と臨床実装を目指しています。東北メディカル・メガバンク機構が構築した全ゲノムリファレンスパネルを活用して、CYP1A2、CYP2C9、DPYD 等における約 1,000 種類の組換えバリエーション酵素を作製・機能評価を行なっています。薬物代謝酵素活性に影響を及ぼす重要なレアバリエーションの同定を進め、個別化医療の発展に大きく貢献する研究基盤を構築していきます。

生体高分子構造解析グループ

主な成果

- 疾患発症に関連するタンパク質の分子構造解析
- クライオ電子顕微鏡・NMR による企業や大学の研究支援

本グループは、タンパク質の分子構造に基づく創薬技術の開発により、未来型医療の実現への貢献を目指しています。クライオ専用 300kV 透過型電子顕微鏡、800MHz NMR を用いて、疾患に関連する生体分子の立体構造解析、機能解明を進めています。これまでに、リボソームや膜タンパク質等、複数のタンパク質について、約 2-4Å での構造解明に成功しています。また、最先端設備による、企業や大学の創薬研究の支援、INGEM の各参画部局と連携した各種研究支援を実施しています。



クライオ電子顕微鏡による生体高分子の立体構造解析の例



溶液用 NMR 装置

ビッグデータメディシン拠点 (BDMC)

2018 年 2 月に未来型医療の実現を支援するため設立され、2020 年 4 月に INGEM 内へ再編。オミックス、医療情報等を連結した医療系ビッグデータを蓄積、オール東北大学によるデータヘルス連携基盤の確立、人材育成・産学連携活動を促進すると共に、各診療科のゲノム医療研究開発、AI 研究、研究成果の臨床での活用を目指しています。

主な成果

- 宮城県 の病診連携ネットワークと大学病院データの連携
- 心不全患者の血中タンパク質 5 種類の測定により心血管イベントが予測可能に
- 緑内障になりやすい体質をポリジェニックリスクスコアで評価可能に

専門委員会

INGEM では、各グループの研究活動に加えて、特に特定の疾患群を対象にするなどしたグループ横断的な専門委員会による研究活動も推進しています。2023 年 8 月現在、次にご紹介する 4 つの専門委員会を設置しています。

- 血管脆弱性専門委員会 (高血圧・心筋梗塞・脳梗塞・糖尿病分野)
- 神経脆弱性専門委員会 (アルツハイマー・うつ病)
- 免疫脆弱性専門委員会 (アレルギー・自己免疫・炎症制御等)
- 酸化ストレス脆弱性専門委員会

臨床応用研究部門

クリニカルバイオバンクグループ

主な成果

- 東北大学病院の29診療科の協力のもと、延べ1.5万症例、3万検体を超える生体試料を収集
- すでに250件を超える出庫依頼に対応し、7,000検体以上が様々な研究に活用されている



収集される生体試料は血液検体、組織検体など多岐にわたる



-80℃の超低温フリーザーで生体試料を適切に管理

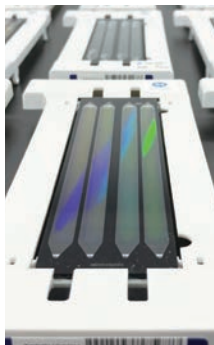
本グループは、クリニカルバイオバンクとして、東北大学病院を受診した患者由来の生体試料を収集・保管・管理し、研究に利活用するために学内に提供する体制を構築してきました。収集・保管する検体数や試料の種類、試料の提供を受ける診療科数等のさらなる拡充に努めると同時に、収集した試料を学内外の研究活動により活発に利活用いただけるよう取り組むことで、我が国における次世代医療の早期実現に向けた基礎・臨床研究の基盤を担うことを目指しています。

クリニカルシーケンスグループ

主な成果

- 東北大学病院の検体を対象とした全ゲノム解析の支援
- ゲノム解析の基盤となる日本人ゲノム参照パネル構築のためのゲノム解析の推進

本グループは、未来型医療に寄与するため、次世代シーケンサー技術を用いたゲノム解析の推進、およびゲノム医療の基盤となるゲノム情報の整備を行なっています。この目的で、一塩基多型・短い挿入欠失多型を対象にした短鎖リードシーケンス解析、複雑なゲノム構造多型を対象にした長鎖リードシーケンス解析、遺伝子発現を対象にしたトランスクリプトーム解析に取り組んでいます。また、1細胞RNAシーケンス等の先端技術を活用したプロジェクトも推進しています。



シーケンス解析で使用するフローセル



様々な解析に対応可能な次世代シーケンサー

クリニカルフェノームグループ

主な成果

- 2,677人分の口腔内マイクロバイオームプロファイルをjMorpで公開
- 腸内マイクロバイオーム解析を開始し、315人のメタゲノムデータを分譲
- 質量分析装置を用いたメタボロームおよびプロテオーム解析フローの構築
- 各種婦人科がんの特徴的な血漿中代謝物プロファイルを特定し、論文公開



メタボロームおよびプロテオーム解析に用いる質量分析装置



マイクロバイオーム解析に用いるシーケンサー

本グループは、統合オミックス解析による疾患関連マーカーの探索と診断、治療、予防への応用や、代謝物および微生物叢プロファイルによる疾患感受性の解明とデータプラットフォーム構築を行っています。生体試料のメタボロームおよびプロテオーム解析を発展させ、がん種の特異性や治療効果判定および予後予測への応用を目指し、がん以外の疾患も視野に入れた測定可能代謝物や検体の種類を拡充します。さらに卵巣がん、口腔がん、脳腫瘍などでメタゲノム検体の収集と、その経時変化の解析に取り組んでいます。

臨床ゲノム診断グループ

主な成果

- 遺伝子パネル検査レポートシステムの構築
- エキスパートパネルのためのレポート・ファイル共有システムの構築
- マルチオミックス解析による新しい医療開発

本グループは、個別化医療の実践に必要な遺伝子多型のアノテーション（遺伝子機能情報）付与、またクリニカルシーケンスに基づく次世代型エキスパート診断委員会の構築と拡充を目指しています。企業と共同で新しい診断システムを開発すると共に、病院疾患バイオバンクの検体のマルチオミックス解析（網羅的分子解析）により新しい治療標的の発見や診断ツールの開発を行います。



エキスパートパネルでは、腫瘍内科医等の専門医、臨床遺伝専門医、遺伝カウンセラー、バイオインフォマティシャン、がん分子生物学など、多様な専門領域、職種、医療機関が議論に参加

臨床データベースグループ

主な成果

- 約7千人分の患者を対象とした統合臨床データベースの構築
- ジェノタイプデータ等のHL7 FHIRによる標準化



統合臨床データベースカタログを構築し利活用を促進

本グループは、クリニカルバイオバンクの臨床情報のデータベース構築、試料由来のゲノム・オミックス解析情報を統合した統合臨床データベースの構築に取り組んでいます。また、統合臨床データベースのカタログを構築し、クリニカルバイオバンク、東北メディカル・メガバンク計画の試料・情報の利活用促進に取り組んでいます。さらに、統合臨床データベースに収載したジェノタイプデータ、ポリジェニックリスクスコア（PRS）の臨床での活用を目指した研究に取り組んでいます。



主な論文成果

複数の部局にまたがるINGEMの特性を活かして、多様な手法をもとに疾患の解明に迫る研究など、さまざまな論文成果が生まれてきています。2020 年以降に発表された主な論文は以下の通りです。

Kawamura M, Shirota H, Niihori T, Komine K, Takahashi M, *et al.* Management of patients with presumed germline pathogenic variant from tumor-only genomic sequencing: A retrospective analysis at a single facility. *Journal of Human Genetics.* 2023; 68(6), 399–408. doi: 10.1038/s10038-023-01133-5

Hishinuma E, Shimada M, Matsukawa N, Li B, Motoike IN, *et al.* Identification of predictive biomarkers for diagnosis and radiation sensitivity of uterine cervical cancer using wide-targeted metabolomics. *Journal of Obstetrics and Gynaecology Research.* 2023. doi: 10.1111/jog.15709

Nishioka M, Takayama J, Sakai N, Kazuno A, Ishiwata M, *et al.* Deep exome sequencing identifies enrichment of deleterious mosaic variants in neurodevelopmental disorder genes and mitochondrial tRNA regions in bipolar disorder. *Molecular Psychiatry.* 2023. doi: 10.1038/s41380-023-02096-x

Shirota H, Komine K, Takahashi M, Takahashi S, Miyauchi E, *et al.* Clinical decisions by the molecular tumor board on comprehensive genomic profiling tests in Japan: A retrospective observational study. *Cancer Medicine.* 2023; 12(5), 6170–6181. doi: 10.1002/cam4.5349

Hishinuma E, Narita Y, Gutiérrez Rico EM, Ueda A, Obuchi K, *et al.* Functional Characterization of 12 Dihydropyrimidinase Allelic Variants in Japanese Individuals for the Prediction of 5-Fluorouracil Treatment-Related Toxicity. *Drug Metabolism and Disposition.* 2023; 51(2), 165–173. doi: 10.1124/dmd.122.001045

Suzuki S, Chiba F, Kimura T, Kon N, Nanatani K, Abe K. Conformational transition induced in the aspartate:alanine antiporter by L-Ala binding. *Scientific Reports.* 2022; 12(1), 15871. doi: 10.1038/s41598-022-19974-z

Otsuki A, Okamura Y, Ishida N, Tadaka S, Takayama J, *et al.* Construction of a trio-based structural variation panel utilizing activated T lymphocytes and long-read sequencing technology. *Communications Biology.* 2022; 5(1), 991. doi: 10.1038/s42003-022-03953-1

Jacobsen JOB, Baudis M, Baynam GS, Beckmann JS, Beltran S, *et al.* The GA4GH Phenopacket schema defines a computable representation of clinical data. *Nature Biotechnology.* 2022; 40(6), 817–820. doi: 10.1038/s41587-022-01357-4

Katata Y, Uneoka S, Saijyo N, Aihara Y, Miyazoe T, *et al.* The longest reported sibling survivors of a severe form of congenital myasthenic syndrome with the ALG14 pathogenic variant. *American Journal of Medical Genetics Part A.* 2022; 188(4), 1293–1298. doi: 10.1002/ajmg.a.62629

Lawson J, Cabili MN, Kerry G, Boughtwood T, Thorogood A, *et al.* The Data Use Ontology to streamline responsible access to human biomedical datasets. *Cell Genomics.* 2021; 1(2):100028. doi: 10.1016/j.xgen.2021.100028

Hishinuma E, Shimada M, Matsukawa N, Saigusa D, Li B, *et al.* Wide-Targeted Metabolome Analysis Identifies Potential Biomarkers for Prognosis Prediction of Epithelial Ovarian Cancer. *Toxins.* 2021; 13(7), 461. doi: 10.3390/toxins13070461

Tayama H, Karasawa H, Yamamura A, Okamura Y, Katsuoka F, *et al.* The association between ERK inhibitor sensitivity and molecular characteristics in colorectal cancer. *Biochemical and Biophysical Research Communications.* 2021; 560, 59–65. doi: 10.1016/j.bbrc.2021.04.130

Horie Y, Suzuki T, Inoue J, Iso T, Wells G, *et al.* Molecular basis for the disruption of Keap1–Nrf2 interaction via Hinge & Latch mechanism. *Communications Biology.* 2021; 4(1), 576. doi: 10.1038/s42003-021-02100-6

Takayama J, Tadaka S, Yano K, Katsuoka F, Gocho C, *et al.* Construction and integration of three de novo Japanese human genome assemblies toward a population-specific reference. *Nature Communications.* 2021; 12(1), 226. doi: 10.1038/s41467-020-20146-8

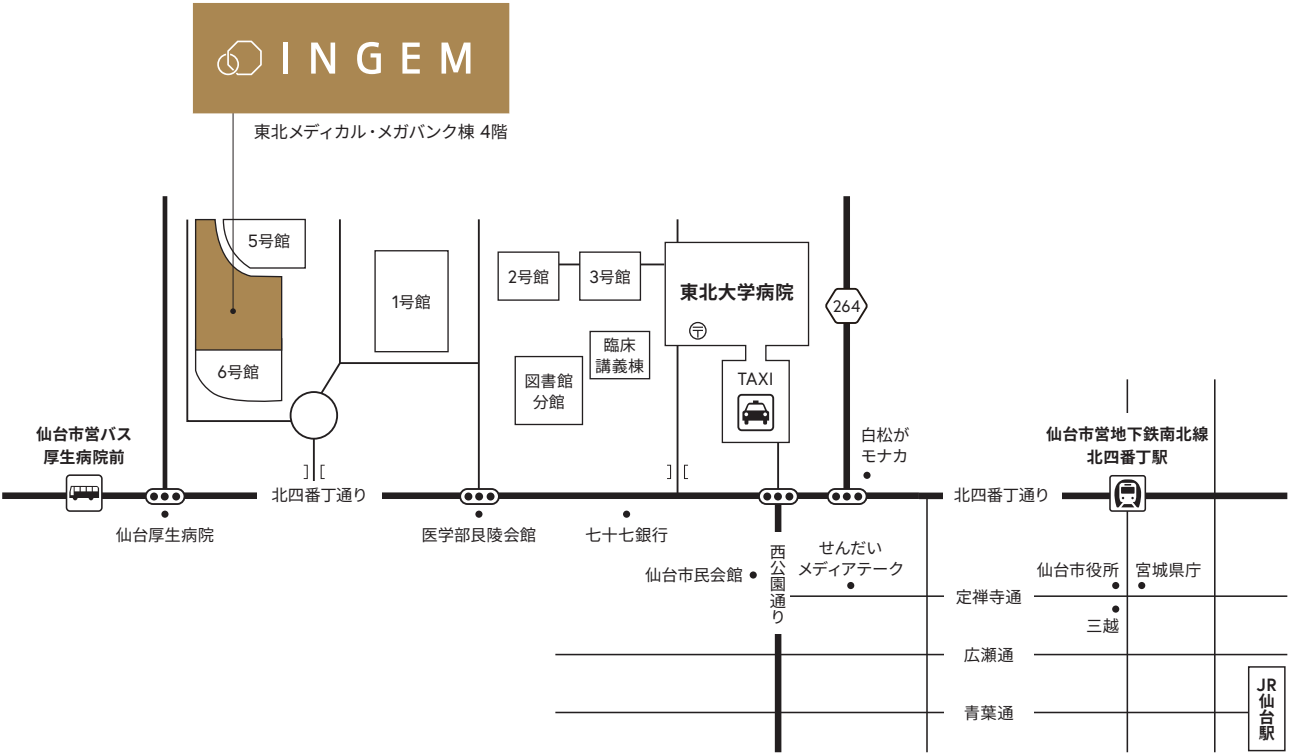
Otsuki A, Okamura Y, Aoki Y, Ishida N, Kumada K, *et al.* Identification of Dominant Transcripts in Oxidative Stress Response by a Full-Length Transcriptome Analysis. *Molecular and Cellular Biology.* 2021; 41(2). doi: 10.1128/MCB.00472-20

Koshiba S, Motoike IN, Saigusa D, Inoue J, Aoki Y, *et al.* Identification of critical genetic variants associated with metabolic phenotypes of the Japanese population. *Communications Biology.* 2020; 3(1), 662. doi: 10.1038/s42003-020-01383-5

Kumondai M, Hishinuma E, Gutiérrez Rico EM, Ito A, Nakanishi Y, *et al.* Heterologous expression of high-activity cytochrome P450 in mammalian cells. *Scientific Reports.* 2020; 10(1), 14193. doi: 10.1038/s41598-020-71035-5

Suzuki M, Katayama S, Yamamoto M. Two effects of GATA2 enhancer repositioning by 3q chromosomal rearrangements. *IUBMB Life.* 2020; 72(1), 159–169. doi: 10.1002/iub.2191

アクセス



仙台市営バス

JR 仙台駅西口バスプール発 13・14・15 番のりば
「東北大学病院経由」と表示のあるバスに乗りし、
「厚生病院前」にて下車、徒歩約 3 分



仙台市営地下鉄

仙台市営地下鉄南北線北四番丁駅
北 2 出入口より徒歩約 15 分

お問い合わせ

東北大学 未来型医療創成センター

〒980-8573
仙台市青葉区星陵町 2-1
東北メディカル・メガバンク棟 4 階
TEL 022-274-2371（代表）
www.ingem.oas.tohoku.ac.jp

発行日：2023 年 9 月
発行：東北大学 未来型医療創成センター