

記事URL：

[https://bizboard.nikkeibp.co.jp/bp\\_bto/atcl/column/16/021500017/042000237/](https://bizboard.nikkeibp.co.jp/bp_bto/atcl/column/16/021500017/042000237/)

このページに掲載されている記事、写真、図表などの無断転載を禁じます。  
著作権は日経BP、または、その他執筆者に帰属します。  
なお、掲載している情報は、記事執筆時点のものです。

連載

ベンチャー探訪

## Qイノベーション、立体構造要らずの蛋白質結合物質探索法を事業化

7分

2022.04.22 菊池結貴子



Qイノベーション取締役兼CTOの中山敬一氏

Qイノベーション（福岡市、小山道子代表取締役）は、LC-MS/MSや人工知能（AI）を使った医療・医薬品開発技術の社会実装を手掛ける九州大学発スタートア

ップだ。取締役兼最高技術責任者（CTO）で、同大生体防御医学研究所主幹教授の中山敬一氏が開発した技術が基盤となっており、会社の実務もほぼ中山氏が担う。

### 3種の計測・予測技術を展開

会社として事業化を手掛ける主な技術は3つ。（1）1万8000種のヒト蛋白質を絶対定量できる「iMPAQTシステム」、（2）乳がんや大腸がん患者の患部のトランスクリプトームパターンから生命予後を予測するAI「mPSシステム」、（3）創薬標的となる蛋白質のアミノ酸配列から、その蛋白質に結合する物質を探索するAI「LIGHTHOUSE」で、いずれも中山氏らが開発したものだ。

iMPAQTシステムは1万8000種のヒト組換え蛋白質から構築したリファレンスデータを基に、検体中のヒトの蛋白質を1時間当たり最大400種類という高速で、高感度に定量する。2018年から、九州大とLSIメディエンス（東京・千代田、渡部晴夫社長）が合同で設置した産学連携研究支援組織の九州プロサーチ有限責任事業組合（KPSL、福岡市、松尾宜輝職務執行者）が事業化している。Qイノベーションは現在、KPSLを通して解析を受託する形を取っている。

mPSシステムでは、がんに対し、発現量が病態と密に連動する遺伝子を介して病気の予後を予測する。積極的な治療をどの程度加えるかといった治療方針の策定などに活用が見込まれる。AIの学習用に、病態とトランスクリプトームのデータを一定量確保できることが必要で、この条件を満たす乳がん和大腸がんを対象とする。

現在は事業化を目指して開発中で、予後予測に使う遺伝子は乳がん23、大腸がん16まで絞り込んでいるという。なお、一般的にがんの臨床検査で指標とされるMKI67やMYC遺伝子はこれらに含まれず、「（絞り込んでみたところ）初めて見るような遺伝子ばかりで、この発見自体に意味がある。がんのメカニズムなどの新たな研究につながり得る」（中山氏）と、科学的知見としても価値がありそうだ。

現在最も力を入れるのがLIGHTHOUSEだ。創薬標的とする蛋白質のアミノ酸配列を入力すると、データベースからその蛋白質に結合し得る化合物を探索する。蛋白質を標的とした創薬では従来、結合能を実際の実験で調べたり、3次元構造を基にしたシミュレーションで予測したりといった手法が取られてきた。しかし、実験には膨大な手間と費用がかかる。シミュレーションでも計算に時間がかかり、3次元構造が未知で解析できない蛋白質も多い。

これに対しLIGHTHOUSEは、蛋白質の3次元構造を必要としない。創薬標的となる蛋白質は、取得が容易なアミノ酸配列の形で学習させている。薬剤候補物質の方は、分子構造を1行に書き下した「SMILES」という表記に直す。これにより、蛋白質も薬剤候補物質も1次元の情報で扱うことができ、計算速度は3次元構造を使ったシミュレーションの数千倍にまで向上した。蛋白質と化合物の組み合わせを合計250万通りほど学習させ、予測の精度を実用可能なレベルまで引き上げた。

LIGHTHOUSEは、実験機器・試薬販売のフナコシ（東京・文京、池田哲也代表）を通じ、2022年4月から受託解析を行っている。価格は探索対象とする薬剤候補物質の多さによって変わり、既存の薬剤1万種類程度を対象に探索するケースでは「次世代シーケンサー（NGS）の外注価格を超えない程度」（中山氏）となるという。フナコシの担当者によれば、3次元構造を使ったシミュレーションよりも、計算のコストを抑えられるため安価に設定できる。全世界で購入可能な化合物のセットであるZINCデータセットの化合物10億種を対象にした探索も受け付ける。特定の治療薬候補に対して、それが結合する蛋白質を探索するという使い方もでき、治療薬の作用機序の解明や副作用のリスク予測にも応用可能だ。受託解析の詳細は <https://www.funakoshi.co.jp/contents/67448> から確認できる。

---

## 抗がん剤候補の開発も

---

中山氏は細胞周期制御やがん研究のプロで、AIの専門家ではない。Qイノベーションの技術に使われているAIの基盤は、かつて中山氏の下で研究していた、東京医科歯科大学の清水秀幸教授が開発したものだ。

清水教授は2014年から大学院生として中山氏の研究室に入り、メインテーマの傍ら、AI関係の優れたアイデアを次々と発案。院生生活の後半では、AIをメインテーマに据えるほどになった。清水教授がシステムを作り、中山氏の研究室でその中身を実証するサイクルができ、LIGHTHOUSEやmPSシステムが生まれた。中山氏は「清水教授が研究室に来なければ、AIに手を出すことはなかった」と話す。2人の出会いが基盤技術を作り、それを広く社会実装するため会社を設立した。

中山氏の目標は、これらの技術を使い、がんなどアンメットメディカルニーズの大きい疾患の治療薬を生み出すことだ。自社開発の薬剤候補物質もある。中山氏らはLIGHTHOUSEを使い、これまでにがん悪性化因子である代謝酵素のPPATに対する阻害薬候補を見つけている。また、新型コロナウイルスの受容体蛋白質に結合す

る化合物として、新たにエトキシゾラミドを見つけた。現在は市販されていないものの、過去に緑内障治療薬として承認された薬剤だ。

PPAT阻害薬候補には特に力を入れる。アンメットメディカルニーズの大きい、小細胞肺癌への効果が期待されるためだ。小細胞肺癌は肺癌の15%を占めるほど患者数が多い上、予後が悪く、死亡率が高い。PPATが治療標的となり得ること自体、iMPAQTシステムを使って自身で発見した。候補物質は現在、製薬企業2社に導出しているほか、自社でも開発を進めている。3者競合の状態だが、「いずれかの枝が伸びて、画期的な抗がん剤に育てば」（中山氏）といい、実用化の方式は今後の開発次第だ。自社での開発を進める場合、医薬品医療機器総合機構（PMDA）に提出可能なデータを取るためのGLP適合性認定などを整え、会社の規模拡大も視野に入るといふ。

## KEYWORD 1次元情報基盤によるAI創薬

AIが処理する情報を、蛋白質の3次元構造でなく、アミノ酸配列という1次元情報に落とし込んだ薬剤候補物質の探索法。3次元データの解析はスーパーコンピューターを必要とし、計算にも長い時間がかかるが、1次元データであれば通常のパソコンでもできるほど計算がしやすくなる。

### | DATA

株式会社Qイノベーション（キュウイノベーション）

Q Innovation

住所 ■ 〒812-0046

福岡県福岡市博多区吉塚本町13番-27

法人番号 ■ 6290001089271

ホームページ ■

<https://sites.google.com/view/qtest2/%E3%83%9B%E3%83%BC%E3%83%A0?authuser=0>

問い合わせ先 ■ qinnovation200615@gmail.com

設立年月 ■ 2020年6月

資本金 ■ 100万円

ベンチャーキャピタル（VC）からの出資 ■ なし

累積の資金調達額 ■ 非公開

代表取締役 ■ 小山道子

事業概要 ■ 次世代プロテオミクス「iMPAQTシステム」の開発・応用、人工知能「mPSシステム」によるがん患者予後の推定、人工知能「LIGHTHOUSE」による創薬支援

**現在の主な株主 ■ 非公開**

**主要なプロジェクト ■ LIGHTHOUSEによる創薬支援、創薬候補物質の探索**

**主要な特許 ■ 中山敬一, 清水秀幸. 相互作用推定方法、相互作用推定装置および相互作用推定プログラム. (出願人 国立大学法人九州大学) 特願2021-091667. 2021/5/31.**

**日経BP**

Copyright Nikkei Business Publications, Inc.