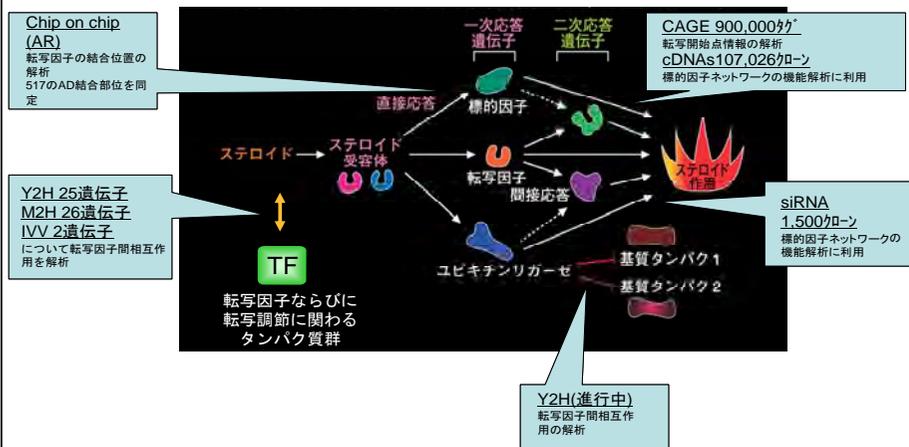


乳がん・前立腺がんに関する性ホルモンの機能解明

東京大学 井上 聡

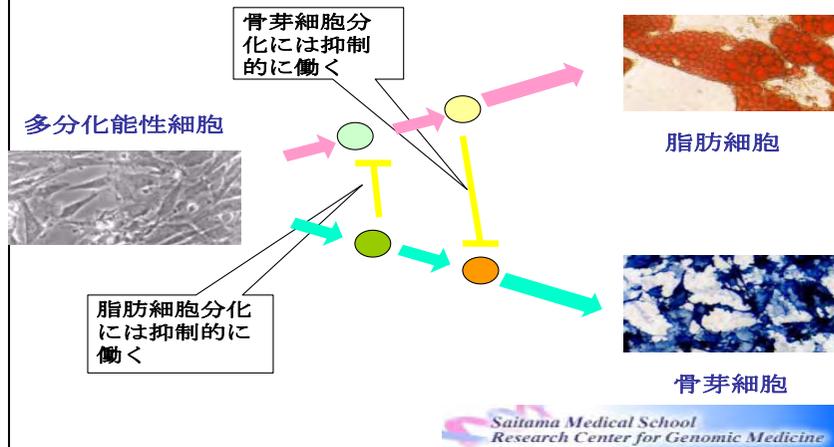
個別生命機能解析(縦軸研究)とゲノム機能情報の解析(横軸研究)の連携の例
 「生体においてステロイドホルモンが担うゲノムネットワークの解明」



脂肪・骨芽細胞分化を制御する遺伝子制御関係を発見

埼玉医科大学 岡崎 康司

脂肪・骨芽細胞分化におけるクロストーク



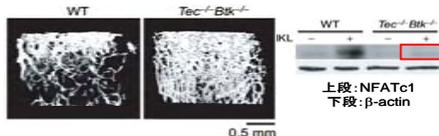
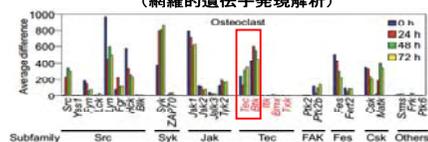
破骨細胞分化に必要なシグナルネットワークを解明

東京医科歯科大学 高柳 広

網羅的遺伝子発現解析とPPIによるチロシンキナーゼBtk/Tecを中心とした破骨細胞分化制御複体の同定

破骨細胞分化過程で発現するBtkとTec (網羅的遺伝子発現解析)

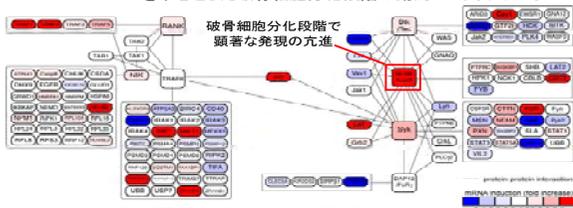
BtkとTecはNFATc1誘導および破骨細胞分化を制御する



RANK-Btk/Tecを中心とした破骨細胞分化段階の動的PPIネットワーク

破骨細胞分化段階で顕著な発現の亢進

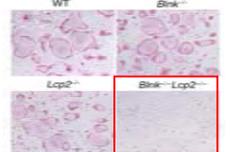
Btk/Tec-SLPアダプタータンパク複合体が破骨細胞分化を制御する



RANK-Ex- DAP12-Fcγ2b

IP: SLNK WT Tec-/- Btk-/-

SLNK Btk (input)



ゲノムワイドな解析により破骨細胞分化の新たな分子制御機構を解明 → 新たな運動器疾患の治療基盤を確立

Shinohara et al. Cell, 2008

病因から発症までの疾患に関するネットワークの解明

健康な生活への貢献

中核機関・グループ(横軸)と個別生命機能研究(横軸)の連携

リソース

世界最大規模の
cDNAクローンを整備

cDNAライブラリー、siRNAライブラリーの整備

リソース(cDNA、siRNA等)の試料等の提供

	提供機関数	提供試料数
1) cDNAクローン	述べ124	28万クローン
2) siRNAクローン	東大23 理研2	13.5万クローン 3千クローン
3) 抗体	12	110種

基盤整備

世界を先導する技術を開発

DNA-タンパク質相互作用解析のCHIP-chip法の高度化 CAGE法の確立

縦軸機関が希望した解析実績

解析法(解析機関)	依頼機関数	解析実績
CAGE(理研)	5	36サンプル
ChIP-chip(東工大)	8	岡崎、井上隆、淺原、影山、林崎、 眞貝、古閑、上田、各機関
Y2H(日立)	11	1440ベイト解析相互、 作用数2373件
M2H(理研)	13	相互作用数7011件
IVV(慶應大)	6	39遺伝子(43ベイト)、 相互作用数608件

HM-PCR、MY1H技術の高度化 DRAP1に対するモノクローナル抗体

情報発信拠点

プラットフォームの整備

ゲノムネットワークプロジェクトで産出される「データ」「システム」「論文・特許」、すべての成果を集約、公開。

