

[各研究プログラムにおける評価の観点](つづき)

**④動的ネットワーク解析技術開発**

- ・体系的なデータ取得を行う研究者と、バイオインフォマティクスや数理科学・制御理論的解析を行う研究者との密接な連携の下に遂行されたか。
- ・分子ネットワークのダイナミックな動きを再現する動的数理モデルの構築について、検証を含む研究上の進展が図られたか。
- ・課題の実施により、研究テーマ\*の解析の強化、もしくは補完がなされたか。
  - \*「乳がん及び前立腺がん細胞における遺伝子発現制御」、「脂肪細胞・骨芽細胞分化ネットワーク」、「マクロファージの分化・活性化のネットワーク」
- ・本プロジェクトの発展に貢献する研究データがヒトゲノムネットワークプラットフォームに送付されているか。

**⑤ヒトゲノムネットワークプラットフォームの構築**

- ・プロジェクト内外で解析データ等が活用されるような研究プラットフォームが構築されたか。
- ・横軸研究及び縦軸研究等に従事する研究者のニーズのフィードバックシステムの構築及びそれによるプラットフォームの高度化がなされたか。
- ・ヒトを中心としたデータベースの統合及びデータ解析ツールの開発について、明確な目標の下に遂行されたか。

## ▶ 評価結果概要

<p>◆全体的には、日本のゲノムサイエンスの発展に十分以上に貢献したことは間違いなく、所期の目標は十分に達成したといえる。</p> <p>◆本プロジェクトにより、今後の生物学研究に必要となる基盤が構築されたことは高く評価すべきである。</p>	
○ゲノム機能情報の解析	<ul style="list-style-type: none"> <li>・プロジェクト全体の基盤リソースを整備してゲノムネットワークコンソーシアム全体に提供するとともに、個別研究の推進に資するデータを産出した。また、CAGE 解析技術の確立、「RNA 新大陸の発見」等新たな展望を開拓した。</li> <li>・世界最大級のcDNA クローン群整備やヒト全遺伝子に相当する約2 万種類の遺伝子に対する抑制効率の高いsiRNA ライブラリを完成させプロジェクトメンバーに配布した。また、高精度ChIP-chip 技術の確立、インシュレータータンパク質の発見など、先進的な研究成果があがっている。</li> <li>・タンパク質等の生体分子間相互作用については、M2H 法、Y2H 法、IVV 法による系統的なデータ創出が図られた。抗体作製も行われ、プロジェクト内で利用された。</li> </ul>
○次世代ゲノム解析技術の開発	<ul style="list-style-type: none"> <li>・特許も生まれ、先進的な技術開発が展開されたことは評価に値する。がん疾患モデルラットの作成、新しい原理に基づくSNP検出技術等、優れた成果をあげている。</li> </ul>
○動的ネットワーク解析技術	<ul style="list-style-type: none"> <li>・数理解析の担当者の充実と実験データ収集側との綿密な打合せのもと、遺伝子の転写制御を中心とする分子ネットワークの動的な特性解析を行うとした目的に対して、2年間という短い研究期間ではあったが、相応の成果をあげた。</li> </ul>
○個別生命機能の解析	<ul style="list-style-type: none"> <li>・先進的な研究課題が採用され、成果があがっている。また、「ゲノム機能情報の解析」で得られた網羅的データと個別研究が相補的に利用がなされ、有効に機能した。個別研究においては、構築された基盤の活用やデータベースの共有により、体節形成、脳部位特異的遺伝子発現、ステロイド応答遺伝子発現、脂肪・骨芽細胞分化、破骨細胞分化を制御する遺伝子等の転写ネットワークが解明されるなど、飛躍的に発展した課題もあった。</li> </ul>
○ヒトゲノムネットワークプラットフォームの構築	<ul style="list-style-type: none"> <li>・実験データの整理、流通、開示に大きな貢献をした。利用システム講習会の実施や聞き取り調査を通して、個別研究と連携し、データ統合を図った点については評価できる。</li> <li>・本プロジェクトにより、今後の生物学研究に必要となる基盤が構築されたことは評価できる。</li> </ul>
<p>◆今後の展望:ゲノムネットワークプロジェクトで開発された技術やリソース等の研究基盤については、今後の日本全体の生命科学における研究基盤として活用されることが期待される。</p>	

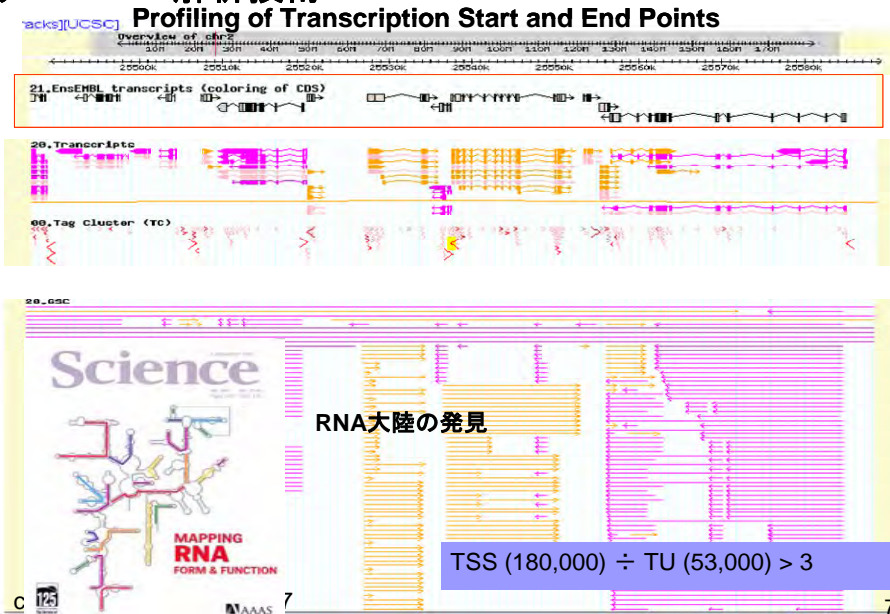
## ゲノムネットワークプロジェクトの成果

# 科学技術的・社会的・国際的効果

## 極めて多様なRNAの存在を明らかにしたRNA大陸の発見

理化学研究所 林崎 良英

### RNA大陸の発見： ゲノム解読 + 完全長cDNAライブラリー/CAGE解析技術



大量の非タンパクコードRNAがゲノムから転写され、他の遺伝子やRNA、タンパク質の機能を制御

Science 309:1559-1563,2005  
Nat Ganet 38:626-635,2006,etc.

2005年科学の十大ニュース(朝日新聞)

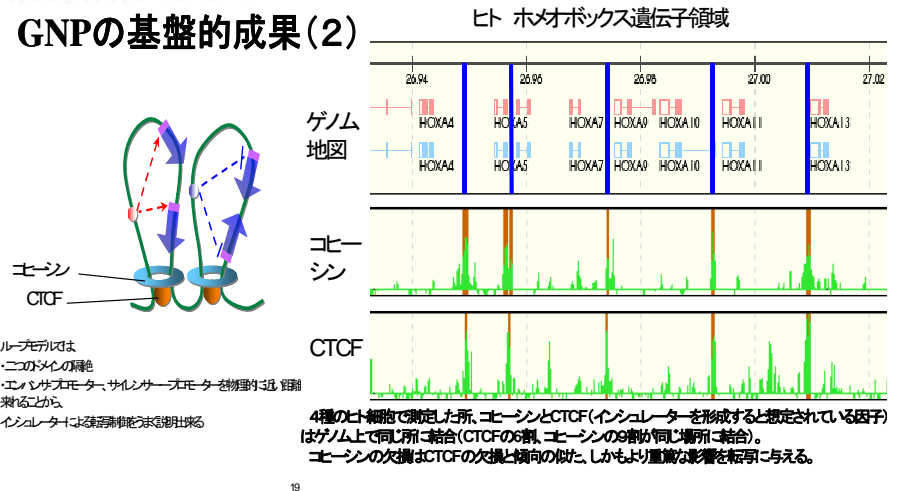
## 秩序だった遺伝子発現を保証するインシュレーター発見

東京工業大学 白髭 克彦

### Cohesin mediates transcriptional insulation by CCCT-binding factor

Kerstin S. Wendt<sup>1\*</sup>, Keisuke Yoshida<sup>2\*</sup>, Takehiko Itoh<sup>3\*</sup>, Masashige Bando<sup>2</sup>, Birgit Koch<sup>1</sup>, Erika Schirghuber<sup>1</sup>, Shuichi Tsutsumi<sup>4</sup>, Genta Nagae<sup>4</sup>, Ko Ishihara<sup>6</sup>, Tsuyoshi Mishiro<sup>6</sup>, Kazuhide Yahata<sup>5</sup>, Fumio Imamoto<sup>5</sup>, Hiroyuki Aburatani<sup>4</sup>, Mitsuyoshi Nakao<sup>6</sup>, Naoko Imamoto<sup>7</sup>, Kazuhiro Maeshima<sup>7</sup>, Katsuhiko Shirahige<sup>2</sup> & Jan-Michael Peters<sup>1</sup>

#### GNPの基盤的成果(2)



ChIP-chip法の開発

ゲノムを発現ブロックに区切り解析が可能

Nature 451:796-801,2008

平成20年日本学術振興会賞

従来の転写制御の概念に変更を迫る世界的発見