

# ゲノムネットワークプロジェクトの成果(情報発信)

## シンポジウム開催実績

第1回 ゲノムネットワークプロジェクト公開シンポジウム 「ゲノム研究の新たな基盤の確立を目指して」

平成17年3月22日 東京国際交流館 プラザ平成 国際交流会議場

第2回 ゲノムネットワークプロジェクト公開シンポジウム 「転写制御ネットワーク解析の最前線」

平成18年年1月26日 東京国際交流館 プラザ平成 国際交流会議場

ライフサイエンス合同シンポジウム2006

平成18年3月14・15日 東京国際交流館プラザ平成国際交流会議場

平成18年3月23日 千里ライフサイエンスセンター

「タンパク3000」+「ゲノムネットワーク」合同フォーラム 「生命の理解と創薬に向けて」

平成18年7月18日 東京国際フォーラム ホールB5

第3回 ゲノムネットワークプロジェクト公開シンポジウム 「医学・生物学へ展開するゲノムネットワーク」

平成19年2月16日 東京国際交流館 プラザ平成 国際交流会議場

第4回 ゲノムネットワークプロジェクト公開シンポジウム 「ネットワーク医学・生物学の最前線」

平成20年2月19日 東京国際交流館 国際交流会議場・メディアホール

第5回 ゲノムネットワークプロジェクト公開シンポジウム 「ゲノムネットワークが拓く新しい医学・生物学」

平成21年1月16日 東京国際フォーラム ホールB5

# GNPとENCODE計画の違い

	GNP (2004~2008)	ENCODE計画 (2003~2007)	新ENCODE Production phase (2007~2010)
ヒトゲノムの 解析対象	遺伝子、発現調節領域 等ゲノムネットワークに 直接関係する機能に限 定	ゲノム上の機能単位を 特定する技術開発 左の機能に加え、動原 体、テロメア、複製開始 点、メチル化サイト等	すべての機能的エレメ ントの同定と解析
解析の規模	特定機能についてゲノム 全体について解析	44領域について解析 (ゲノム全体の1%)	全領域について解析
進め方	ネットワーク研究をプロ ジェクトの一部として推 進し、相互の連携関係を 構築しながら推進	ネットワーク研究とは 独立したプロジェクトと して推進	スケールアップ 7課題 パイロットスケール 2課題 データセンター 1課題 技術開発 7課題
対象領域 転写単位 発現プロフィール	ヒトゲノム領域(3000Mb) ~180,000(TSS) 68組織、31細胞株 (CAGE解析:4300万タグ)	ヒトゲノム 1%(30Mb) ~7150(TSS) 11細胞株 (チップ解析:数量不明)	ヒトゲノム全領域3000Mb)

## GNPとENCODE計画 成果の比較

	GNP (~2009)	ENCODE計画 (~2007)
転写調節について	<p>RNA大陸の発見 ゲノム機能情報の解析</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>・転写単位TSS~180,000</li> <li>・遺伝子発現プロフィール4300万タグ</li> <li>・転写因子相互作用PPI(7,079相互作用)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>・ゲノムは広範囲に転写されその大部分はタンパクをコードしない転写産物である</li> <li>・転写開始部位に関する新たな知見</li> <li>・転写開始部位と特定の調節配列の関係、クロマチン構造とDNA複製、転写調節の相互関係の解明</li> </ul>
ゲノムネットワーク研究	<p>ネットワーク研究をプロジェクトの一部として推進し、相互の連携関係を構築しながら推進</p> <p>ネットワークの動的な特性の解析 リソースの整備(cDNA、siRNA、抗体)</p>	<p>ネットワーク研究とは独立したプロジェクトとして推進</p>
個別生命機能の解明	<p>リソース、ゲノム機能情報の解析をもとに生命機能の解明を効率的に実施</p> <p>Nature, Science, Cell等に論文発表</p>	<p>ゲノム機能情報の解析が中心</p>

## 參考資料

# ゲノムネットワークプロジェクトの実施機関

分類	課題名	代表研究者	代表研究機関	実施期間
ゲノム機能情報の解析(7課題)				
中核機関	ゲノム機能情報の集中的解析	林崎 良英	理化学研究所	H16~H20
指定課題	ヒト全遺伝子レトロウイルス型siRNAライブラリの構築	秋山 徹	東京大学	H16~H20
	酵母ツーハイブリッド法による転写因子間の相互作用の解明と補助因子の探索・同定	岩柳 隆夫	日立製作所	H16~H20
	ゲノムネットワーク解析に向けたヒトcDNAクローンの整備	菅野 純夫	東京大学	H16~H17
公募課題	ゲノムタイリングアレイを用いたヒト転写レギュロームの解明	白髭 克彦	東京工業大学	H16~H20
	In vitro virus法による転写因子複合体の大規模解析	柳川 弘志	慶應義塾大学	H16~H20
	抗体を用いた転写因子複合体解析によるゲノムネットワークの理解	古閑 比佐志	かずさDNA研究所	H18~H20
ヒトゲノムネットワークプラットフォームの構築(1課題)				
中核機関	ヒトゲノムネットワーク情報システムの構築	五條堀 孝	国立遺伝学研究所	H16~H20
次世代ゲノム解析技術の開発(5課題)				
公募課題	メチル化ボディマップと蛋白質DNA相互作用情報の統合	伊藤 隆司	東京大学	H16~H17
	新技術を基盤とした革新的遺伝子解析システムの開発ー塩基部無保護DNA化学合成と新型磁気ビーズを駆使してー	関根 光雄	東京工業大学	H16~H20
	ショットガン戦略による高分解能メチル化ボディマッピング	伊藤 隆司	東京大学	H18~H20
	精子幹細胞の遺伝子改変によるがん疾患モデルラットの作成	篠原 隆司	京都大学	H18~H20
	転写因子に対する抗体の遺伝子免疫による迅速作製システムの開発	千葉 文	東京理科大学	H18~H20

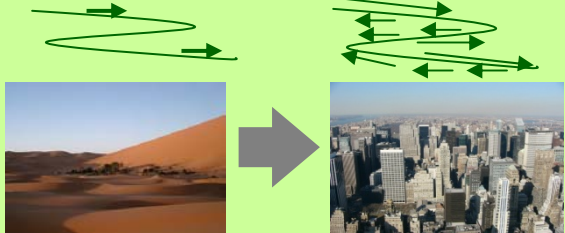
# ゲノムネットワークプロジェクトの実施機関(2)

分類	課題名	代表研究者	代表研究機関	実施期間
個別生命機能の解析(19課題)				
公募課題	生命を形づくる遺伝子発現機構の網羅的解析	浅原 弘嗣	国立成育医療センター研究所	H16~H20
	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	井上 聡	東京大学	H16~H20
	脳の時間的・空間的発現制御機構のシステム生物学	上田 泰己	理化学研究所	H16~H20
	脂肪・骨芽細胞分化ネットワークのクロストークと冗長性の解明	岡崎 康司	埼玉医科大学	H16~H20
	2時間を刻む生物時計に関わる遺伝子群の網羅的解析	影山 龍一郎	京都大学	H16~H20
	糖尿病に関連した転写調節因子に対する遺伝子ネットワークの探索	加藤 規弘	国立国際医療センター研究所	H16~H18
	ノンコーディングRNAによるゲノム情報発現制御機構の解析	塩見 春彦	徳島大学	H16~H20
	個別生命機能における転写因子の機能ネットワークと疾患	高橋 智	筑波大学	H16~H20
	運動器の形成・維持・老化に関わる遺伝子制御ネットワークの解明	高柳 広	東京医科歯科大学	H16~H20
	細胞死シグナル分子と増殖・分化シグナル間ネットワーク機構解明	米原 伸	京都大学	H16~H20
	自己-非自己識別に関わる免疫系遺伝子制御ネットワークの解明	井上 純一郎	東京大学	H18~H20
	睡眠覚醒調節に関する遺伝子発現調節ネットワークの解明	裏出 良博	大阪バイオサイエンス研究所	H18~H20
	ヒトゲノムのクロマチン転写ユニットの網羅的解析とその応用	太田 力	国立がんセンター研究所	H18~H20
	エピジェネティックネットワークを介した幹細胞維持の分子機序	古関 明彦	理化学研究所	H18~H20
	哺乳類生殖細胞の性分化に関わるゲノムネットワークの解析	相賀 裕美子	国立遺伝学研究所	H18~H20
	免疫疾患に関与する転写因子群ネットワークの解明	白澤 専二	福岡大学	H18~H20
	SETドメイン分子によるゲノムネットワーク構築と生命機能制御	眞貝 洋一	京都大学	H18~H20
	免疫系細胞高次機能を司るDOCK2シグナルネットワークの解明	福井 宣規	九州大学	H18~H20
	蛋白の可視化と機能的複合体解析で解くゲノム安定性ネットワーク	安井 明	東北大学	H18~H20

# 中核機関(理化学研究所)の成果

## 「要素」の収集・解析

### 1. ゲノムの約70%が利用されている

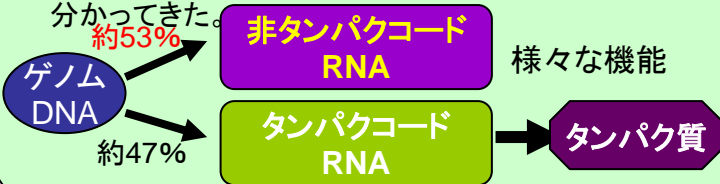


昔のゲノムのイメージ  
砂漠の中にオアシスが点在する

今のゲノムのイメージ  
大都会のように遺伝子が密集している

### 2. 「RNA新大陸」

非タンパクコードRNAが大量に見つかった。タンパク質だけでなく、RNAも機能を持つ分子であることが分かってきた。



### 3. 医療応用の期待

応用領域は非常に広く、ほとんどのヒトの重要疾患をカバーする。

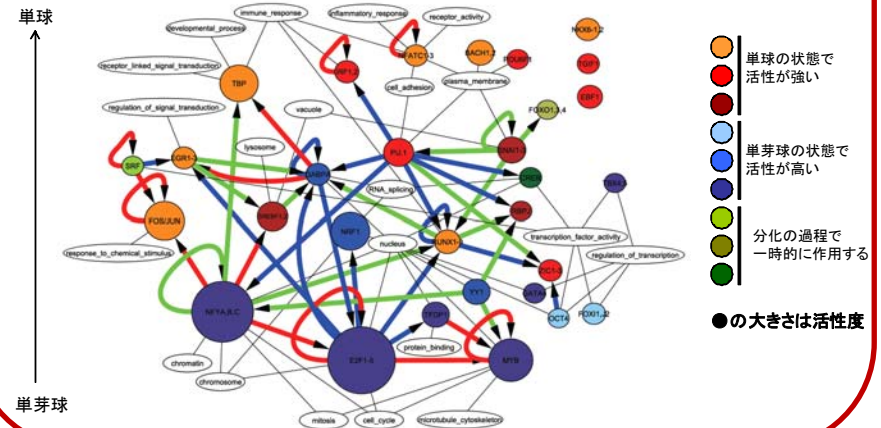
- ・ガン
- ・アルツハイマー
- ・糖尿病
- ・自己免疫疾患



2005年9月2日付  
Science誌  
「RNA特集号」に掲載

## 「ネットワーク」の解析

THP-1細胞株において、単芽球が単球に分化する過程を支配する30の重要な転写因子の制御ネットワーク解明。



● 単球の状態  
で活性が高い

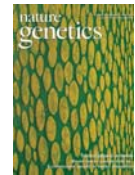
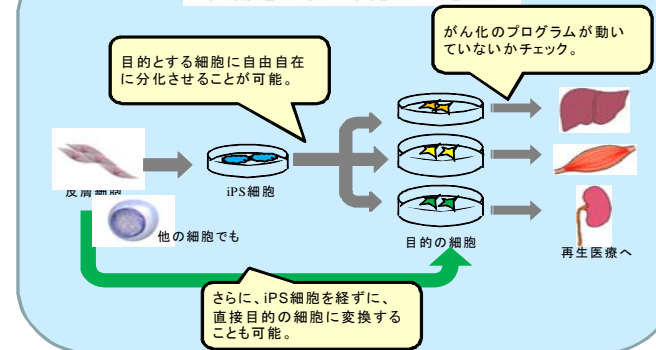
● 単芽球の状態  
で活性が高い

● 分化の過程で  
一時的に作用する

● の大きさは活性度

将来的には

### 細胞を自在に変換する技術



2009年4月20日付  
Nature Genetics 誌  
「FANTOM4特集号」に掲載