

ゲノムネットワークプロジェクト(GNP) について

平成22年3月

文部科学省研究振興局
ライフサイエンス課

ゲノムネットワークプロジェクトの概要

平成16年度～平成20年度
平成16～20年度総事業費：137億円
※運営費交付金中の推計額含む

国際的背景

国際ヒトゲノム 計画の達成

(平成15年4月14日)



ゲノムの構造(塩基配列)が解読され、
今後はその機能の解明へ

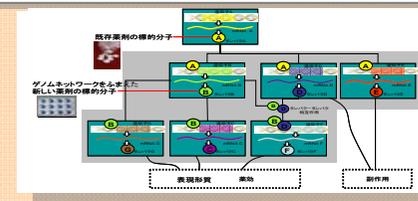
ゲノム研究は
**機能解明を中心とした
本格的国際競争
の時代に突入**

米国: ENCODE計画発表

(The ENCyclopedia Of DNA Elements)
ヒトゲノム(1%)の全機能解析計画(平成15年4月)

→ **ヒトゲノムの全機能解明へ**

ゲノムネットワークとは



遺伝子は単独で機能しているのではなく、相互に機能を調整し、作用している。遺伝子同士が描く複雑な相互作用のこと。

プロジェクトの目的

遺伝子の発現調節機能等の系統的な解析に基づき、転写制御を中心にネットワークを明らかにすることにより発生・分化等の生命科学に関する基本的問題の解明の基盤を構築する。

*cDNA(complementary DNA)とは、mRNA(messenger RNA タンパク質合成の遺伝情報を写しとって伝えるリボ核酸)と相補的な塩基配列をもつ一本鎖DNA。mRNAなどを鋳型として逆転写酵素を用いて合成する。

ゲノムネットワーク研究推進方策

- 我が国の強みを活かす研究
ヒト及びマウスの完全長cDNA*、高速塩基配列決定設備や解析技術のノウハウなどのリソースの活用
- 効果的な研究推進体制(バイオプラットフォーム)の構築
集中的なゲノム解析と各種疾患等の個別のネットワーク研究との有機的連携を確保
- 集中的解析の実施と平行して、ゲノムネットワーク解析のための新規の技術開発を実施

期待できる成果

病因から発症までのメカニズムの探索

健康な生活への貢献

経済活性化への貢献



ゲノムネットワークプロジェクト予算について

総合科学技術会議の優先順位付け

年 度	1 6	1 7	1 8	1 9	2 0
優先順位	S	S	A	A	着実・効率的に 実施する必要

S:特に重要な研究課題等であり、積極的に実施すべきもの

A:重要な課題等であり、着実に実施すべきもの

予算額の推移

	平成16年度	平成17年度	平成18年度	平成19年度	平成20年度	合計
当初計画	80億円	80億円	80億円	80億円	80億円	400億円
予算額	26億円	27億円	28億円	31億円	25億円	137億円

(運営費交付金中の推計額を含む)

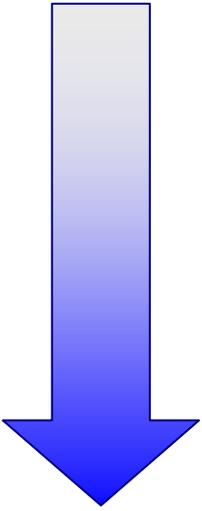
※当初のプロジェクト実施計画からの見直しの内容

当初80億円の予算の段階で計画していた一部の研究課題を断念するとともに、計画されていたマウスについての解析を、ヒトでは解析が不可能か困難なものに限り用いるということで対象を絞っている。さらに公募の選定数の絞り込みを行い、予算額の変更に対応している。

計画額に対する予算削減の経緯とそれに伴う目標の変更

当初計画

- ・今後のポストゲノムシーケンシング研究の一つのあり方として、個別生命現象のネットワークの解明、画期的な創薬の探索等の面においてヒトゲノム解読の成果を活用することを目指し、現在アメリカで進められているENCODE計画と異なり、ヒトゲノム機能の解明はネットワーク解明等に直接的に結びつくものについて、我が国の利点を生かし集中的に実施するとともに、ネットワーク解明等に資する生体分子相互作用等のデータについても技術的に可能なものについて集中的に解析を行う。
- ・更に、本プロジェクトにおいては、国際的優位性の高いもの、実用化において重要な意義を有するものの中から網羅的データの活用により、特に画期的な成果を見込み得る個別の生命機能の解明を行う研究を提案公募により実施し、集中的データの創出との有機的連携による、効果的な生命研究のシステムの構築をも目指す。



H15事前評価指摘事項(総合科学技術会議)

- ・解析の対象となる生体分子はDNA、各種RNA、タンパク質等多岐にわたり、これらが関与する生命プロセスも転写、翻訳や多様な生体分子間の相互作用など膨大なものとなるため、研究開発の開始に当たっては、その具体的な目的や、達成目標とそれに至るマイルストーンを明確に決定し、有限な資源を用いて効率的に成果が得られるよう、焦点を絞った推進が図られる必要がある。
- ・「ゲノム機能情報の集中的解析」については、転写開始点や転写調節因子等の研究が、疾病発症のメカニズムの解明や医薬品の開発等への応用にも近く、国際競争も激しいことから、これらの解析を、ヒトを対象として優先的・集中的に進めるべき。
- ・タンパク質間相互作用の解明については、現在想定しているツーハイブリッド法のみでは限界があることから、当面は現在可能な技術で解析を進めつつ、並行して行われる「次世代ゲノム解析技術開発」による成果を機動的に取り入れていくべき。
- ・全体の予算に占める公募型部分の割合を増加させ、我が国全体の研究開発力を結集することによって、本研究開発の目指す網羅的情報基盤を他国に先駆けて実現し、国際競争に耐え得る体制を作るべき。 など

変更後の目標・対象

- ・遺伝子の発現調節機能等の系統的な解析に基づき、転写制御を中心にネットワークを明らかにすることにより発生・分化等の生命科学に関する基本的問題の解明の基盤を構築する。
- ・成果の最終的な応用が医療であることを考え、ヒトを解析対象とし、ヒトで解析困難な場合にのみマウスなど他生物を補助手段として解析する。

ゲノムネットワークプロジェクトの研究

プロジェクトの目的

ヒトの転写制御系のネットワークを解明し、そのデータを活用した個別生命に焦点を当てたネットワーク解析を行い、生命活動を成立させているネットワークを明らかにする。

■ゲノム機能情報の解析（横軸研究）

ヒトゲノムの発現調節領域の解析、遺伝子発現に係る生体分子（タンパク質など）間の相互作用の解明等といった、ゲノム機能に関するネットワークの基礎データについて系統的解析を図る。また、本プロジェクトの推進に有効な共通リソースの整備を行う。

■次世代ゲノム解析技術の開発

本プロジェクトに貢献する要素技術の開発を行い、短期間での実用化を目指す。

■動的ネットワークの解析技術の開発（平成19年～）

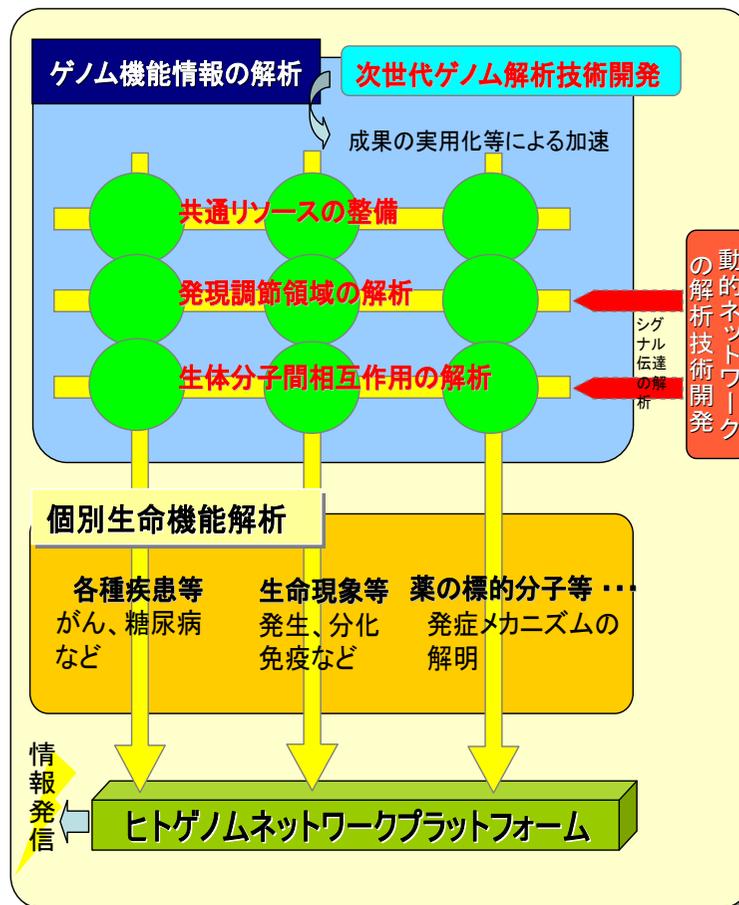
システムバイオロジー的手法等を導入し、細胞からのシグナル伝達から転写に至るネットワークの解析を実施する。

■個別生命機能解析（縦軸研究）

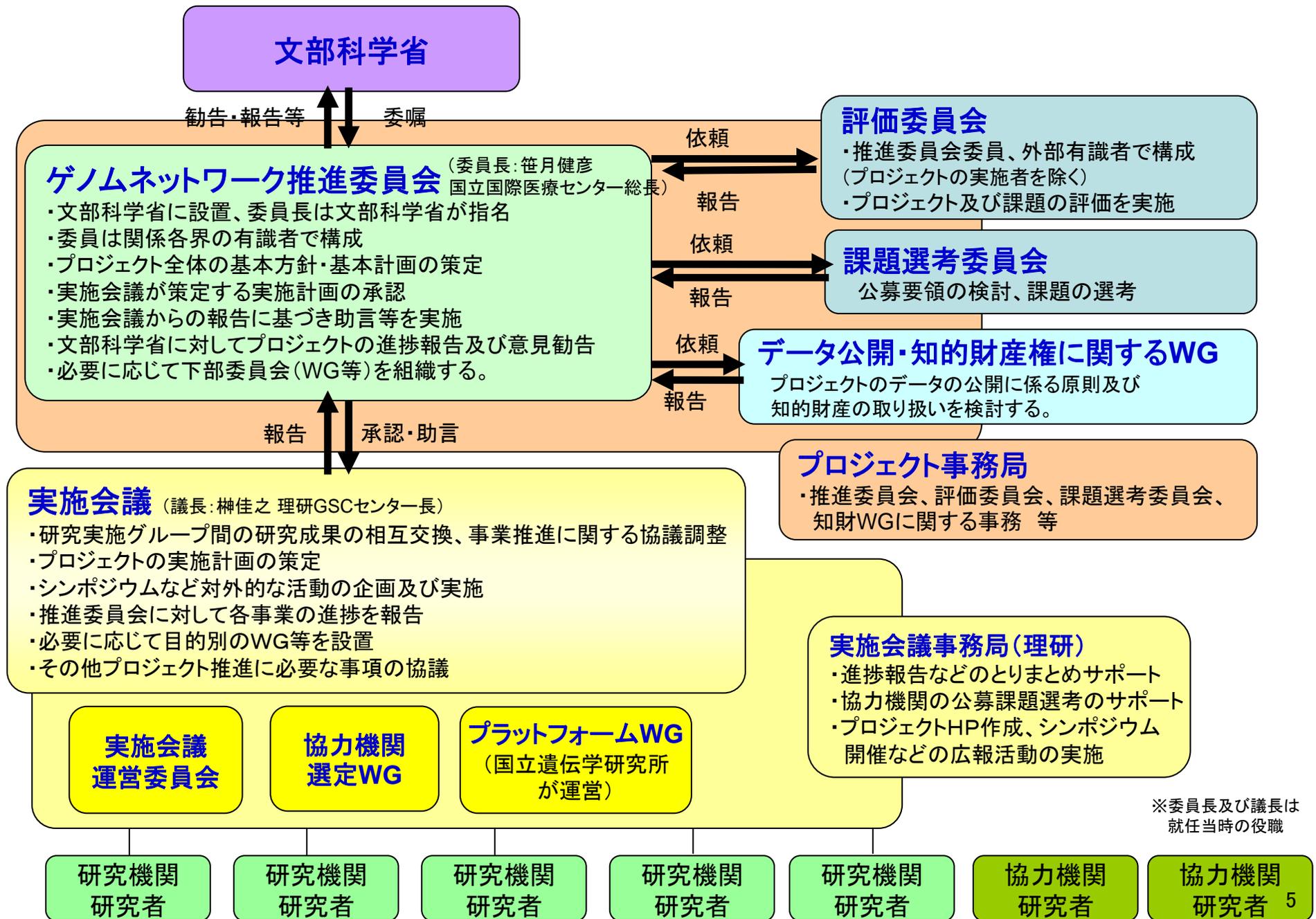
個別の生命現象に焦点を当てたネットワーク解析を実施する。

■ヒトゲノムネットワークプラットフォーム

ゲノム機能情報や既存のゲノム情報を遺伝研において有機的に統合し、個別生命現象の研究に活用する。



ゲノムネットワークプロジェクト実施体制



ゲノムネットワークプロジェクトの実施機関(1)

研究プログラム	分類	課題名	代表機関	代表研究者	実施期間
横軸研究	中核機関	ゲノム機能情報の集中的解析	独立行政法人理化学研究所	林崎 良英	H16~H20
	指定課題	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	国立大学法人東京大学	菅野 純夫	H16~H17
	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	国立大学法人東京大学	秋山 徹	H16~H20
	指定課題	酵母ツーハイブリッド法(Y2H)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	株式会社日立製作所	大友 純	H16~H20
	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	国立大学法人東京工業大学	白髭 克彦	H16~H20
	公募課題	<i>In vitro</i> virus法による転写因子複合体の大規模解析	学校法人慶應義塾	柳川 弘志	H16~H20
	公募課題	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	財団法人かずさDNA研究所	古閑 比佐志	H18~H20
小 計(横軸研究)					
プラットフォーム	中核機関	ヒトゲノムネットワーク情報システムの構築	大学共同利用機関法人情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所	五條堀 孝	H16~H20
小 計(プラットフォーム)					
次世代ゲノム解析技術の開発	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	国立大学法人東京大学	伊藤 隆司	H16~H17
	公募課題	新技術を基盤とした革新的遺伝子解析システムの開発	国立大学法人東京工業大学	関根 光雄	H16~H20
	公募課題	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	国立大学法人東京大学	伊藤 隆司	H18~H20
	公募課題	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	国立大学法人京都大学	篠原 隆司	H18~H20
	公募課題	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	学校法人東京理科大学	千葉 丈	H18~H20
小 計(次世代ゲノム解析技術の開発)					

ゲノムネットワークプロジェクトの実施機関(2)

縦軸研究	公募課題	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	国立国際医療センター	加藤 規弘	H16～H18
	公募課題	生命を形づくる遺伝子発現機構の網羅的解析	国立成育医療センター	浅原 弘嗣	H16～H20
	公募課題	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	国立大学法人東京大学	井上 聡	H16～H20
	公募課題	脳の時間的・空間的発現制御機構のシステム生物学	独立行政法人理化学研究所	上田 泰己	H16～H20
	公募課題	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	学校法人埼玉医科大学	岡崎 康司	H16～H20
	公募課題	2時間を刻む生物時計に関わる遺伝子群の網羅的解析	国立大学法人京都大学	影山 龍一郎	H16～H20
	公募課題	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	学校法人慶應義塾	塩見 春彦	H16～H20
	公募課題	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	国立大学法人筑波大学	高橋 智	H16～H20
	公募課題	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	国立大学法人東京医科歯科大学	高柳 広	H16～H20
	公募課題	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	国立大学法人京都大学	米原 伸	H16～H20
	公募課題	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	国立大学法人東京大学	井上 純一郎	H18～H20
	公募課題	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	財団法人大阪バイオサイエンス研究所	裏出 良博	H18～H20
	公募課題	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	国立がんセンター	太田 力	H18～H20
	公募課題	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	独立行政法人理化学研究所	古関 明彦	H18～H20
	公募課題	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	大学共同利用機関法人情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所	相賀 裕美子	H18～H20
	公募課題	免疫疾患に関与する転写因子群ネットワークの解明	学校法人福岡大学	白澤 専二	H18～H20
	公募課題	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	国立大学法人京都大学	眞貝 洋一	H18～H20
	公募課題	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	国立大学法人九州大学	福井 宣規	H18～H20
	公募課題	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	国立大学法人東北大学	安井 明	H18～H20
小 計(縦軸研究)					
動的ネットワーク	公募課題	乳がん細胞の薬剤抵抗性に関するネットワークの動態解析	特定非営利活動法人システム・バイオロジー研究機構	北野 宏明	H19～H20
	公募課題	脂肪細胞・骨芽細胞分化ネットワークの再構成と特性解析	国立大学法人大阪大学	松田 秀雄	H19～H20
	公募課題	動的ネットワーク抽出のためのイン・シリコパイプラインの構築	国立大学法人東京大学	宮野 悟	H19～H20
小 計(動的ネットワーク解析技術開発)					
合 計					

ゲノムネットワークプロジェクトの評価

● 総合科学技術会議評価専門調査会

平成15年度 大規模研究開発の事前評価

平成17年度 大規模研究開発の評価のフォローアップ

● 文部科学省における評価

平成15年度 事前評価(ライフサイエンス委員会)

平成18年度 中間評価(ライフサイエンス委員会)

平成20年度 事後評価(評価委員会)

平成21年度 事後評価(ライフサイエンス委員会)

● ゲノムネットワークプロジェクト外実施会議における自己点検・評価(18年度～20年度)