

ゲノムネットワークプロジェクトの成果(知的財産)

件名	件数	備考
論文	517本 ※平成21年4月以降更に42本	Nature: 5本 (Nature Series:21本) Science: 2本 Cell: 1本
書籍(雑誌含む)	32冊	
学会、シンポジウム講演	850件 ※平成21年4月以降更に29件	
関連特許出願	20件 ※平成21年4月以降更に3件	

特許内訳	横軸	プラットフォーム	技術開発	縦軸	動的ネットワーク
研究期間中	4	1	4	11	0
終了後	1			2	

特許出願済リスト(1/2)

	発明者	発明の名称	出願日	出願番号
1	岡崎 康司, 徳澤 佳美 油谷 幸一, 堤 修一 若林 賢一	骨芽細胞分化マーカー、骨形成促進剤及び骨形成抑制剤	2009/03/13	特願2009-061208
2	浅原 弘嗣	I d 2 及び/又は I d 3 の発現を抑制するための発現抑制剤、及びその利用	2009/03/10	特願2009-055911
3	米原 伸, 桐山 真利重 石川 冬木, 齊藤 基樹	細胞増殖抑制剤及びそのスクリーニング方法	2009/03/05	特願2009-052628
4	白澤 専二, 藤本 崇宏 角田 俊之, 土井 佳子 小柳 緑	ZFAT 遺伝子発現抑制RNA	2008/09/08	PCT/JP2008/66155
5	井上 聡, 池田 和博	子宮癌、乳癌、及び膀胱癌の予防乃至治療に好適な二本鎖核酸分子、癌細胞増殖抑制剤、並びに医薬	2008/06/20	PCT/JP2008/61346
6	井上 聡, 池田 和博	前立腺癌及び膀胱癌の予防乃至治療に好適な二本鎖核酸分子、癌細胞増殖抑制剤、並びに医薬	2008/03/11	特願2008-060757
7	五條堀 孝, 池尾 一穂, 岡山 利次	相同性検索システム、相同性検索装置および相同性検索方法	2007/03/02	特願2007-052583; PCT/JP2008/053647
8	岡崎 康司, 八木研 水野 洋介	骨粗鬆症の予測分析方法、並びに、骨粗鬆症の治療剤及びそのスクリーニング方法	2007/01/31	特願2007-022359
9	岡崎 康司, 八木 研, 水野 洋介	間葉系細胞の分化抑制剤及び分化促進剤、並びに医薬及びスクリーニング方法	2007/01/31	特願2007-020893
10	高橋 智, 楊川 堯基 下畑 晋	Mafk/MafA 遺伝子改変非ヒト動物及び該非ヒト動物の作成方法	2006/12/22	特願2006-345839
11	柳川 弘志, 宮本 悦子, 鷺尾 尊規 石坂 正道	配列データの取得方法ならびにそれらを利用したターゲット遺伝子の抽出方法および蛋白質の設計方法	2006/12/06	特願2006-329313

(太字:GNP研究課題代表者 及び 分担研究代表者等)

特許出願済リスト(2/2)

	発明者	発明の名称	出願日	出願番号
12	篠原 隆司, 篠原 美都	精原幹細胞のインビトロ増殖方法	2006/10/25	特願2006-290111
13	井上 聡, 池田 和博	子宮癌及び乳癌の予防乃至治療に好適な二本鎖核酸分子、癌細胞増殖抑制剤、並びに医薬	2006/06/20	特願2007-162641
14	岡崎 康司, クローチキン・イーゴル, シオンバッハ・クリスチャン	A Pharmaceutical Composition for Treating and Disorder Associated with Peroxisomal Biogenesis and Function	2006/06/09	PCT/JP2006/312085
15	関根 光雄, 清尾 康志 大窪 章寛, 田中 邦彦	オリゴヌクレオチド固定化固相担体	2006/03/10	特願2006-066396 PCT/JP2007/054645
16	関根 光雄, 清尾 康志 大窪 章寛, 坂本 一石 佐々見 武志	オリゴヌクレオチド誘導体、遺伝子検出用プローブ及びDNAチップ	2006/02/28	特願2007-505962 PCT/JP2006/303772
17	林崎 良英, 鈴木 治和, 伊藤 昌可	II S型制限酵素を用いる翻訳終始コドンの除去方法	2005/12/15	特願2005-362337
18	関根 光雄, 清尾 康志, 大窪 章寛	固体支持体及びDNAチップ	2005/09/12	特願2005-263722
19	柳川 弘志, 宮本 悦子	遺伝子および/又は蛋白質のデータベースを用いた相互作用マップの作成方法、ならびに、それを実現するためのソフトウェアおよび装置	2004/11/22	特願2005-515680
20	柳川 弘志, 宮本 悦子 堀澤 健一	c - J u n蛋白質と複合体を形成する蛋白質、及び、それをコードする核酸、ならびに、それらの利用方法	2004/11/19	特願2005-516432

平成21年 4月以降 3件

	発明者	発明の名称	出願日	出願番号
21	井上聡、池田和博	「糖代謝、脂質代謝、肥満、及び寿命を制御する制御遺伝子、及びタンパク質、並びにスクリーニング方法」	2010/01/14	特願2010-006021
22	影山 龍一郎、	多能性幹細胞からの神経細胞の分化誘導方法	2009/07/16	特願2009-168045
23	林崎 良英, 鈴木 治和, シンジェイ 鈴木 貴紘	転写因子探索方法	2010/01/08	特願2010-17419

国際的効果

■世界最大級のcDNAクローン、ORFエントリークローンのコレクション

クローン	開始時目標	平成20年度末
cDNAクローン	22,237遺伝子	20,415遺伝子 (注1)
Gatewayエントリークローン	できるだけ多く	15,004遺伝子 (注2)
siRNA	15,000遺伝子	19,000遺伝子 (レトロウイルス型) 5,000遺伝子 (レンチウイルス型) 3,000遺伝子 (pol II 型)

GNPプラットフォームより情報提供。
理化学研究所バイオリソースセンターから配布・提供。

■精度の高い転写因子間相互作用マップ世界初

3種類のタンパク相互作用解析法 (M2H、Y2H、IVV) によって、より精度の高い、世界で初めての転写因子間相互作用マップをプラットフォーム上に構築 (本プロジェクトのcDNAクローンを活用)。

国際的効果

■GNPとENCODE計画成果の比較

	GNP (~2009)	ENCODE計画 (~2007)
転写調節について	RNA大陸の発見 ゲノム機能情報の解析 ・転写単位TSS-180,000 ・遺伝子発現プロファイル4300万タグ ・転写因子相互作用PPI(7,079相互作用)	ゲノムは広範囲に転写される大部分はタンパクをコードしない転写産物である ・転写開始部位に関する新たな知見 ・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
ゲノムネットワーク研究	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 ネットワークの動的な特性の解析 リソースの整備 (cDNA、siRNA、抗体)	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
個別生命機能の解明	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 Nature, Science, Cell等に論文発表	ゲノム機能情報の解析が中心

■協力機関の約60%が外国機関 理研のFANTOMプロジェクトとの連携

	機関数(のべ)
日本	22
海外	32

国際協調

FANTOM3/GN1

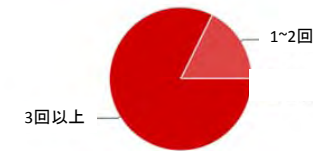
CAGEなどの技術を活用した解析を行い、従来2%といわれていたゲノムが実際には70%以上がRNAとして転写されていることを示した。さらに、従来は100個程度しか知られていなかったncRNA (non-coding RNA) が実は2万3000個以上も存在することを突き止め、「RNA新大陸」の発見として教科書を書き換える発見となった。

FANTOM4/GN2

転写因子のネットワークを解明するための方法を開発し、ヒト白血病由来細胞株が単芽球から単球の状態に分化する過程をモデルとして、**実験データのみに基づく転写因子のネットワーク**を明らかにした。この方法を応用することにより、さまざまな細胞の分化状態 (表現形質) を支配している一群の重要な遺伝子を抽出することができ、将来的には、細胞を自在に変換する技術につながると期待される。

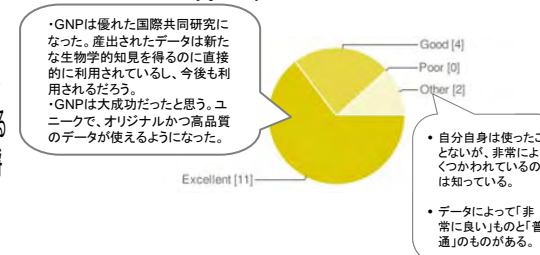
■外国人研究者の評価 (理研アンケート)

■ゲノムネットワークプロジェクトで産出されたデータを活用したことがあるか?



海外の17名の研究者から無記名で回答を得た。(FANTOM関係者を含む)

■ゲノムネットワークプロジェクトのデータの質はどうか?



ゲノム機能情報の解析—中核機関の成果—

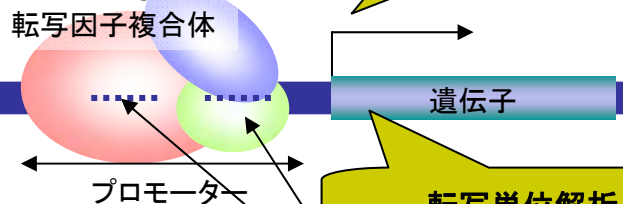
理化学研究所 林崎 良英

基礎データ I

慶応、日立、理研

タンパク質相互作用

- 3つの方法(M2H、Y2H、IVV)により発見された7,011組のタンパク相互作用データ。
- データの精度と網羅性を向上。



発見データの収集

転写単位解析

転写因子結合部位解析

プロモーター解析
ヒトとマウスの168の組織や細胞の転写開始点情報は、他の追従を許さない

基礎データ II

理研

単一の細胞(単球)にフォーカスしているが、取得可能なあらゆるオミックス情報が測定されデータベース化されている。非常に貴重な情報。

タンパクコード遺伝子の発現情報

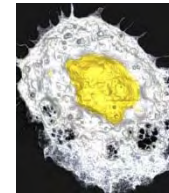
プロモーターレベルの遺伝子発現情報

定量的な遺伝子発現情報

クロマチンレベルの発現制御

短鎖RNA発現

転写因子相互作用

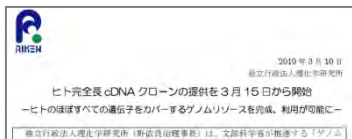


THP-1

リソース

理研、東大

cDNAとエントリークローンも最大のものとなった。



データおよびクローンは一般に開放

ヒトcDNA
コレクション

ヒトの全遺伝子の9割に相当する20,415遺伝子、のべ370,000クローン。

Gateway®
エントリークローン

ヒト完全長cDNAコレクションから抜粋した15,004遺伝子。Gateway®テクノロジーにより、遺伝子を種々の発現ベクターへ簡単に移入することができ、幅広い遺伝子研究に活用できる。

siRNA

1万9千を超えるヒト遺伝子に対するshRNAライブラリー