

実施計画案まとめ

1. 研究プログラムの進捗状況と実施計画案(まとめ)

項目	目標	現状	実施計画(案)
(1)横軸研究 1)横軸データの生産・整備 ①発現情報	qRT-PCR、30 サンプル 2,000 転写因子 CAGE、30 サンプル 1,000 万タグ解析、	qRT-PCR、38 サンプル、1,911 転写因子 CAGE、36 組織 1,800 万タグ、目標達成	qRT-PCR、CAGE については当初計画達成。依頼 解析の実施(縦軸研究との連携)
②PPI	M2H、2,000 転写因子x2,000 転写因子 Y2H、1,200 転写因子x全遺伝子(1,200 ベイト解析 IVV、250 相互作用解析	M2H、1,114 転写因子x1,114 転写因子解析 Y2H、960 ベイト設計解析中 IVV、12 ベイト PPI 解析 200 相互作用検出	M2H、縦軸依頼希望遺伝子 229 個のうち未解析の ものについて解析する。縦軸からの希望を優先 Y2H、縦軸研究からの希望転写因子を優先、1 タン パク質1ベイトから複数ベイトに変更、残りベイトを 実施、1200 ベイトの解析を達成する IVV、縦軸からの希望を含め転写因子関連遺伝子と して約 60 ベイト解析実施、バイオインフォマティク検 証、ウェット検証
2)リソースの整備 ①cDNA	ヒト cDNA クローンを約 22,000 収集、 多目的ベクター系に再クローン化	収集クローン 14,377(東大 8,472、理研 5,905) GATEWAY 化 5,481(東大)	未収集クローン収集 エントリークローン化 コンソーシアム内へのクローン配布 (理研)
②siRNA	ヒト遺伝子 20,000 に対する siRNA レト ロウイルスセットを完成(東大)、変更 12,000 種類に対する siRNA セットの完 成 理研より配布、変更東大より配布	東大 15,000 個別遺伝子 siRNA 合成 pSUPER レトロウイルスベクターでの配布 可能(CRT 社と契約締結) 理研、500 遺伝子、1,500 クローン	東大、pSUPER レトロウイルスベクター-siRNA 配布 理研 siRNA、理研から配布
3)タイリングアレイの整備	DNA タイリングチップを用い ChIP-chip 法の技術確立と縦軸研究への応用、 活用 タイリングアレイを用いた転写産物解 析及び転写因子等の配置解析	ヒト ChIP-chip 法を確立 p53、ヒストン修飾については 21 番 22 番 染色体及び Encode 領域解析終了 縦軸研究との共同解析	縦軸研究との緊密な連携強化 全染色体タイリングアレイ解析用プロトコルの確立 修飾ヒストン、クロマチン高次構造形成因子、転写 因子配置の全染色体レベルでの解析 転写産物の解析同定

4) クラスターワークショップ	遺伝子発現情報を基盤とし、クラスターを抽出し個別基盤 DB を構築	遺伝研と理研が中心となり、縦軸研究を含め戦略ミーティングを実施	クロマチン構造、転写因子コンプレックス、プロモータ、被制御因子、表現型の階層等の解析を行う静的及び動的な発現制御のネットワーク解析パイプラインの構築
(2) ゲノムネットワークプラットフォームの構築 (資料5-3参照)	プロジェクトで産生されるデータを統合整理し、さらなる研究のためにフィードバックし、データのプラットフォームを構築する。	ファイル共有システム、実験データの参照、コンソーシアム参加機関に開示。公共データベースと統合パイプラインを構築 コンソーシアムへの開示及びその利用システムの講習 知財投稿システムの本格運用 一般へのデータ公開	知財投稿システム運用、周知徹底 横軸データをコンソーシアム内に開示 一般へのデータ公開 公共データベースからのデータ統合 データベース利用のインターフェース改良 新機能の追加 統計情報解析とデータベースへの統合
(3) 次世代ゲノム解析技術の開発 1) 「新技術を基盤とした革新的遺伝子解析システムの開発」 2) 「メチル化ボディマップと蛋白質 DNA 相互作用情報の統合	次世代のスタンダードになる新規ゲノム解析技術開発 エピジェネティック情報の系統的取得技術の開発	塩基部無保護 DNA 合成法 SNP 解析法 フェライト含有磁気ビーズ担体遺伝子検出法 超高精度塩基識別能人工塩基 DNA チップ mRNA を標的にした RNA チップ開発 HM-PCR アレル別メチル化の網羅的解析 メチル化依存的酵母1ハイブリッドシステム確立	SNP 解析法の応用 フェライト担体を用いた迅速遺伝子検出 RNA チップの開発縦軸研究(塩見)と連携 新しい DNA の合成技術で高精度迅速遺伝子解析 GNP におけるゲノム解析の技術的發展を図る 平成17年度終了
(4) 個別生命機能の解析 (資料5-4参照)	各テーマ毎に目標設定	10 課題本年最終年度、横軸研究との連携 (PPI、CAGE、タイリングアレイ等)のもと着実に成果をあげている	縦軸研究横軸研究のより一層の連携強化 目標達成に向けて研究遂行 新たに公募により採択された課題の実施

2. その他の進捗状況と実施計画案(まとめ)

項目	目標	現状	実施計画(案)
(1)縦軸研究・横軸研究の連携		横軸機関と縦軸機関の個別面談の結果 各縦軸研究機関から PPI 解析希望が多数あった 優先度を上げ解析 CAGE 解析、ChIP-chip 解析 (参考5-1、5-2参照)	PPI 解析 CAGE 解析、ChIP-chip解析の実施 タイリングアレイ解析 クラスターワークショップ
(2)横軸研究—プラットフォーム構築(横軸研究機関、国立遺伝学研究所)連携		データベースのデータ移管、コンソーシアムデータ開示、一般公開データベース等につき定期的打合わせ PPI、理化学研究所(M2H)と日立製作所(Y2H)、慶應大学(IVV)及び遺伝研で定期的打合せ	理化学研究所と国立遺伝学研究所その他横軸研究機関との連携については引き続き定期的あるいは随時の会合を持つ。 タイリングアレイ技術(東京工業大学)の縦軸研究への活用
(3)知的財産権保護に向けた取組み		縦軸研究者と実施会議事務局と面談、知財確保について意見交換を行った	縦軸研究からの知的財産権確保の推進
(4)協力機関の募集		アカデミアを対象に募集、 縦軸独立研究 13 件 縦軸協力研究 2 件 横軸協力研究 22 件 技術開発独立研究 2 件	協力機関の現状及び必要性について調査 アカデミアに加え民間を対象に募集予定、コンソーシアム規約、リソース関係の知財権の整理
(5)広報及び調査等 (参考5-3参照)	広報 動向調査 実施会議関連会議の運営	シンポジウム開催、ニュースレター発行、ホームページ更新、パンフレット改訂 米国及び欧州へ出張調査実施 実施会議関連会議の運営	タンパクゲノム合同フォーラム開催 公開シンポジウム開催 ニュースレター、ホームページ、パンフレット改訂 昨年の ENCODE を中心とした調査のフォロー調査(米国及び欧州への出張調査) 実施会議、運営委員会、協力機関選定 WG