

1. 研究領域名：ゲノム機能解析とインフォマティクスを駆使した生命システムの解明

2. 研究期間：平成 16 年度～平成 21 年度

3. 領域代表者：高木 利久（東京大学・大学院新領域創成科学研究科・教授）

4. 領域代表者からの報告

(1) 研究領域の目的及び意義

本領域では、「ゲノム情報から生命をシステムとして理解するための方法論と技術(情報、計測、実験)の開発およびこれらを駆使した生命システムの新たな理解」を領域の目標に掲げて研究を展開する。本領域は、ゲノム研究を基盤として、その上に生物、情報、計測の各分野を融合した新たな研究スタイルを確立し、生命のより深い理解を目指すものである。

本領域では領域を以下の 4 つの研究項目に分けて、研究を展開する。

研究項目 A01：ゲノム機能に関する情報の収集と統合による生命システムの再構築

研究項目 A02：高度なデータ取得技術の開発とそれをを用いた生命システムの解明

研究項目 A03：モデル化とシミュレーションによる生命システムの理解

研究項目 A04：生命システム解明のための革新的な情報解析技術の開発

これら 4 つの研究項目に、平成 17 年度は、計画研究 16 件、公募研究 28 件の合計 44 件、平成 18 年度および平成 19 年度は、計画研究 18 件、公募研究 31 件の合計 49 件の研究課題が設定され、活発な研究活動を展開している。本領域では、上記の 4 つの研究項目間の緊密な連携を図り、領域全体を有機的に円滑に運営し、研究を効率良く進めるために、総括班を設けている。

(2) 研究の進展状況及び成果の概要

当初の計画通り順調に研究は進行している。これまでの研究において、文献からの知識の組み合わせによる知識発見手法の開発、枯草菌・大腸菌の必須遺伝子の機能解析、メダカの繊毛運動に関与する遺伝子同定とヒト繊毛病との関係解明、完全長 cDNA 解析による世界最大の酵母転写開始点データベースの構築、シグナリング分子の相互作用の動態定量化技術開発、多数の蛋白質の絶対定量を行う技術の開発、細胞内の数千種類の代謝物質の一斉分析を可能にする質量分析装置の開発、シグナル伝達機構の安定性解析を目的とした細胞収縮を制御する機構の解明、模様変異遺伝子のクローニングによるゼブラフィッシュの模様が波であることの証明、マイクロアレイデータと蛋白質間相互作用データからのネットワーク推定手法の開発、遺伝子阻害のための効率的 dsRNA 配列設計アルゴリズム開発、ダイナミクスや可視化を含む生命システムの統合的記述法の開発など、多くの成果が得られている。本領域では、全体で 381 報ほどの論文、9 件の特許がこれまで出ている。さらに成果の一部はデータベースの形で公開されている。そのサイト数は 67 件にのぼり、世界中から日々多くのアクセスを集めている。これらの研究成果を生み出す過程において、複数の分野にまたがる共同研究が多数生まれ、その結果、理論・計算と実験を融合した研究スタイルの創出、データ収集からデータ解析まで一貫した研究の設計と実行など、本領域はこれからの生命科学に必要とされる新しい研究スタイルや方法論の創出に大きく貢献してきている。

5. 審査部会における所見

A（現行のまま推進すればよい）

生物学と情報学および計測技術とを融合させて新しいバイオサイエンス研究領域を創成するという本研究領域の目標に向け、真剣に挑戦しており、このまま努力を継続することが望まれる。多くの優れた論文発表や、様々なデータベースの公開など、順調に研究成果公表が進んでいる。特に体内時計や体節時計、パターン形成などの個別研究において、数理生物学としてのシステムズバイオロジーの優れた研究の成果が得られている。また、形態インフォマティクスや定量計測技術の開発など、新たな取り組みもみられる。ゲノム 4 領域内の共同研究が 70 件にのぼるなど、研究者相互の連携についても強化されてきており、研究成果の面からは、おおむね順調に進展していると判断した。生命システムの解明という目標に向け、ゲノム機能解析とインフォマティクスを駆使したこれまで以上の取り組みから、新しいパラダイムを開く人材の出現を期待する。ゲノム 4 領域研究の中核となる領域として、新しい研究分野を切り開く挑戦的アプローチを明確にし、重点的に取り組むことが望まれる。