

# ゲノム比較と系統的相互作用解析に基づく 遺伝子・分子ネットワークの解明

(研究期間：平成10～14年度)

研究代表者：金久 實(京都大学)

## 研究課題の概要

本研究では、ゲノムシーケンシングが明らかにする全遺伝子のデータ(生命システムの部品のカタログの情報)と、マイクロアレイやプロテオーム等の実験による遺伝子間または分子間の相互作用データ(部品間のつながりの情報)を、新しい情報処理技術で融合することにより、ゲノムから生命システムを再構築する方法論を確立する。とくに、らん藻、酵母、枯草菌、大腸菌でマイクロアレイによる発現プロファイル解析を行い、またらん藻と酵母については2ハイブリッドシステムと質量分析によるタンパク質間相互作用データをも加え、遺伝子・分子ネットワークを明らかにする。これらの解析を通じて、生命システムの情報構築原理解明を目指し、同時にらん藻ゲノム中の多数の未知遺伝子について、系統的機能予測を行う。本研究で開発された情報処理技術および実験技術は、ゲノム情報の産業利用にもつながると考えられる。

## (1) 総評

我が国をリードしているらん藻分野での研究およびタンパク質相互作用の研究については、研究の集中化が進められ、良い成果が上がっている。

ただ、ゲノムシーケンスから遺伝子・タンパク質のネットワーク解明も、情報学手動で進めるといった先駆的な研究であったが、アレー技術等、技術的側面が未熟な時期に開始されており、この点、時期尚早であった感がある。

また、各分担の技術ポテンシャルは高いが、全体としてのグランドデザインがはっきりしない。

<総合評価：b. 優れた成果が得られた研究であった>

## (2) 評価結果

### 目標達成度

本研究の目標は、1つはゲノムの情報から細胞機能を司る遺伝子・分子ネットワークを予測する技術を開発すること、もう1つはすでに全塩基配列が決定した生物種、とくにらん藻で実際にデータ解析を行い、ネットワークの解明を行うことである。第1の技術開発については十分に達成された。本研究ではゲノムからネットワークを予測するために、原核生物でのマイクロアレイ実験技術を確立し、遺伝子発現プロファイルデータをゲノム配列データと統合して解析する情報技術を開発した。第2のらん藻のネットワーク解明に関しては、当初目標が非常に高く設定されていたこともあり、遺伝子数として解明の度合いを評価すると、ある程度しか達成されなかった。しかしながら、本研究遂行の中で「らん藻 DNA チップコンソーシアム」を組織し、また研究コミュニティの知識を集約した「コミュニティデータベース」を開発したことにより、らん藻分野の我が国の研究を大幅に促進させた。

