

2007年6月14日
独立行政法人 理化学研究所

米国「ENCODE 計画」に遺伝子構造・機能研究グループが独自の技術で貢献

米国を中心とする ENCODE (Encyclopedia Of the Human DNA Elements) コンソーシアムは、2003 年にはじまった ENCODE 計画のパイロットプロジェクトの成果をまとめ、科学誌ネイチャー (6 月 14 日号) に発表しました。理化学研究所ゲノム科学総合研究センター 遺伝子構造・機能研究グループ (林崎良英プロジェクトディレクター) は、独自に開発した CAGE データ*1 を提供することにより、本プロジェクトに貢献しています。

ENCODE (エンコード) 計画は、ポストゲノム戦略として米国で立ち上げられたプロジェクトです。米国 NIH (衛生研究所) の国立ヒトゲノム解析研究所 (National Human Genome Research Institute) を中心として、2003 年 9 月から正式に開始されました。"ENCODE" とは、Encyclopedia of Human DNA Elements (ヒト DNA の百科事典) から命名されており、完全解読されたヒトゲノム上に、遺伝子の機能を担う領域を全て書き込んで、全ヒトゲノム (DNA) の百科事典を作成することを目指した計画です。

今回の ENCODE 計画のパイロットプロジェクトでは、ヒトゲノムの 1% にあたる部分から、人の病気や生物学的に関連性のある 44 の領域をあらかじめ選び、プロモーター配列*2、制御領域、およびゲノム DNA に結合するタンパク質因子の同定などの集中的解析を行いました。その中で、CAGE データは、様々な生命現象におけるプロモーター配列の使われ方の違いを解析するために活用されました。

今回の論文で興味深いのは、ヒトゲノムの大部分の領域が一度は RNA に転写されており、そのゲノム領域が 93% に上ることが明らかになったことです。また、新たに同定した RNA のほとんどは、タンパク質をコードしていない可能性が高いことも示しています。

さらに、プロジェクトでは転写開始サイトおよび転写因子に関連するヒストンタンパク質の修飾のマップを作成し、これを用いて転写開始サイト周辺のゲノムに結合するタンパク質の解析などを行いました。

研究グループは FANTOM*3 / ゲノムネットワークプロジェクトによるゲノムワイドな解析の成果として、これまでに以下のような研究成果を発表してきました。

- (1) 従来ゲノムの 98% はジャンクとされてきたのに対し、ゲノムの 70% 以上が RNA に転写されていることを示した。(2005 年サイエンス誌に発表)
- (2) タンパク質をコードしない RNA (non-coding RNA; ncRNA) は、全 RNA の半分以上を占めていることを明らかにし、タンパク質に匹敵する広大な研究領域「RNA 大陸」を発見した。(2005 年サイエンス誌に発表)

2005 年 9 月 2 日プレスリリース (: 哺乳動物のトランスクリプトームの総合的解析による「RNA 新大陸」の発見)

(3)マウス及びヒトのプロモーター配列の初の大規模マップを作成 (2006年ネイチャー・ジェネティクス誌)

2006年4月29日プレスリリース (: 新しい遺伝子調節メカニズム「ブロード型」の調節領域を発見)

今回ネイチャー誌に発表された論文は、理研グループのパイオニアとしての役割を改めて実証し、また広げていくものだと言えるでしょう。

< 問い合わせ先・報道担当 >

(問い合わせ先)

独立行政法人理化学研究所

ゲノム科学総合研究センター 遺伝子構造・機能研究グループ

プロジェクトディレクター 林崎 良英 (はやしざき よしひで)

Tel : 045-503-9222 / Fax : 045-503-9216

横浜研究推進部 企画課

Tel : 045-503-9117 / Fax : 045-503-9113

(報道担当)

独立行政法人理化学研究所 広報室 報道担当

Tel : 048-467-9272 / Fax : 048-462-4715

Mail : koho@riken.jp

<補足説明>

※1 CAGE (Cap Analysis of Gene Expression)

耐熱性逆転写酵素や cap-trapper 法を組み合わせることで転写物の 5'末端から 20 塩基のタグ配列を切り出し、塩基配列を決定する実験技法。

※2 プロモーター配列

転写開始を促す活性を持つ DNA 上の特定の領域・塩基配列のこと。

※3 FANTOM (Functional Annotation of Mouse cDNA)

理研が中心となって結成された哺乳動物 (マウス) の遺伝子を網羅的に機能注釈することを主眼とする国際的研究コンソーシアム共同集団 (Functional ANnoTation Of Mouse cDNA) の略称。オーストラリア、シンガポール、スウェーデン、南アフリカ、イタリア、ドイツ、ギリシャ、スイス、英国、米国などを含む全世界の 11ヶ国 / 45ヶ所の研究機関等が参加している。