

マウス cDNA 機能アノテーション会議を開催

理化学研究所（小林俊一理事長）は8月28日（月）から9月8日（金）まで、国内外のバイオインフォマティクス、およびゲノム科学などの専門家と共同で「マウス cDNA 機能アノテーション会議(Functional Annotation of Mouse [FANTOM] meeting)」を当研究所・筑波研究所で開きます。

当研究所のゲノム科学総合研究センター（和田昭允センター所長）は、これまで「マウス遺伝子エンサイクロペディア計画」としてマウス完全長 cDNA の解析（約2万クローン）を進めてきました。会議では、この完全長 cDNA の機能に関する情報をコンピューター解析した結果を参照しながら、研究者が機能の注釈付け（機能アノテーション）を行います。

機能アノテーションを行うことによって、マウスの完全長 cDNA の全塩基配列情報とともに、機能情報が付加された形での情報公開が可能となり、全世界の研究者がより効果的、効率的に「マウス完全長 cDNA」の情報を活用でき、ヒトゲノムドラフトシーケンス情報などと相まって、ヒト遺伝子の機能解明などが飛躍的に促進されることが期待されます。

1. 背景

マウスは、遺伝子が約10万種あると予測され、ヒトの遺伝子とほとんど同じであること、ヒトでは取れないライフサイクルすべてのステージの遺伝子が取れること、実験的にも扱いやすいことなどから、ヒトのモデル動物とされています。

これらのマウスの遺伝子（完全長 cDNA）のすべてを取り出し、その塩基配列情報などを体系的に整理した辞書となる「マウス遺伝子エンサイクロペディア」の作成は、ヒト遺伝子の機能解明の促進など、医学・生物学といったさまざまな分野での貢献が期待されます。

「マウス遺伝子エンサイクロペディア」の作成は、ゲノム科学総合研究センターの遺伝子構造・機能研究グループ（林崎良英プロジェクトディレクター）が担い、約12万7千クローンのマウス完全長 cDNA の末端部分の塩基配列データをホームページ（<http://genome.rtc.riken.go.jp>）にて公開してきました。

2. マウス cDNA 機能アノテーション会議

1) 目的

本会議では、上記マウス完全長 cDNA の末端配列解析とともに進めてきた全長塩基配列の解析を完了した約2万クローンの完全長 cDNA について、既知遺伝子塩基配列情報とのホモロジー（類似性）情報、遺伝子産物であるタンパク質のモチーフ情報（2次構造あるいはそれらの組み合わせの構造情報）、

「GENE ONTOLOGY CONSORTIUM^{*1}」によって決められた遺伝子の属性分類などの情報を付加していくことにしています。

2) 意義

ヒトゲノムのドラフトシーケンスが本年 6 月に解読されるなど、膨大なゲノム情報 (DNA 塩基配列情報) が全世界で急激に解読されつつあるなか、今後はそれらの情報をもとに行われる機能研究、いわゆるポストゲノム研究が焦点となっています。

アノテーションの情報は、このような DNA 塩基配列情報をもとに、効率的に遺伝子の機能解析を進めるに当たって不可欠な情報です。また、cDNA に関する機能アノテーション会議の開催は、世界初の試み^{*2}であり、高等生物の cDNA についての機能アノテーションの国際的標準化の先駆けとなることが期待されています。

3) 開催日

2000 年 8 月 28 日 (月) ~ 9 月 8 日 (金)

4) 場所

理化学研究所 筑波研究所 (茨城県つくば市高野台 3-1-1)

5) 主催

理化学研究所 横浜研究所 ゲノム科学総合研究センター (GSC)
(GSC 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])

6) 研究参加予定者

海外の EMBL-EBI (European Bioinformatics Institute)、NCBI (National Center for Biotechnology Information)、TIGR (The Institute for Genomic Research)、The Jackson laboratory、UCB (University of California, Berkeley)、国内の国立遺伝学研究所生命情報研究センター、大阪大学、慶應義塾大学など、国内外のバイオインフォマティクスおよび、ゲノム科学などの研究機関から国外約 40 人、国内約 20 人の専門家が参加予定。

7) 成果

本会議終了後、その結果を速やかに取りまとめ、論文に投稿します。また、当該論文が公表され次第、今回の会議の対象である約 2 万クロンの完全長 cDNA に関する全塩基配列情報および、機能アノテーションのデータをホームページなどで公開します。

なお、本年 11 月 6 日 (月) から 9 日 (木) に成田市の「リーガロイヤルホテル成田」で開催される「第 14 回国際マウスゲノム学会 (14 International Mouse GenomeConference : IMGCC)」でも、本会議での結果概要を報告する予定です。

3. 今後の予定

今後も「マウス遺伝子エンサイクロペディア計画」の一環として、マウス完全長 cDNA の取得と、その全長塩基配列の解析を進めるとともに、機能アノテーションを継続して実施し、順次、その研究成果を公開していきます。

(問い合わせ先)

独立行政法人理化学研究所

横浜研究所 研究推進部※

堤 精史

Tel : 048-467-8563 / Fax : 048-467-8091

(報道担当)

独立行政法人理化学研究所 広報室

嶋田 庸嗣

Tel : 048-467-9271 / Fax : 048-462-4715

※横浜研究所研究推進部は9月4日より下記で業務を開始する予定です。

〒230-0045 神奈川県横浜市鶴見区末広町1-7-22

Tel : 045-503-9111 / Fax : 045-503-9113

<補足説明>

※1 「GENE ONTOLOGY CONSORTIUM」

ショウジョウバエ、酵母、マウスの研究者らが集まって、遺伝子 (gene) の定義について、Gene Ontology という形で分類分けをする作業を行っている組織。

※2 「アノテーション会議」

ショウジョウバエのゲノム DNA については1999年9月に、世界の研究者(45人程度)が2週間程度の合宿を行って、遺伝子予測および機能の注釈付けを行っている。