

15	課題番号	研究課題名	研究代表者	評価結果
	14104017	膜蛋白質相互作用解析のための構造生物学的戦略の開発とその応用	嶋田 一夫(東京大学・大学院薬学系研究科・教授)	A
(意見等) 本研究は膜蛋白質・リガンド複合体のような高分子蛋白質の構造解析に適用可能な NMR 戦略の構築を意図として、1)膜蛋白質に適応可能な NMR 戦略法の確立と、2)イオンチャンネルとイオンチャンネルブロッカーの相互作用解析を行うことを目的としている。すでに過去 2 年間に於いて 1)申請者らがすでに開発している交差飽和法を基盤として転位交差飽和法(TCS 法)を考案し、これを 164K の分子量を持つ蛋白質 A・B ドメインとインタクト抗体の複合体に適用し、その有用性を示すとともに、膜蛋白質の効率的発現系の確立にも十分な可能性を示している。一方課題 2)については、KcsA およびそのポアーブロッカーとの相互作用解析、並びに繊維状コラーゲンとコラーゲン結合蛋白質の相互作用解析に TCS 法を適用し、新たな知見を得ている。さらに、こうした研究成果は <i>Nature Struct. Biol.</i> や <i>J. Biol. Chem.</i> をはじめとする国際誌に発表されている。このように本研究の進捗状況は順調であり、研究終了時における大きな成果が期待される。				
16	課題番号	研究課題名	研究代表者	評価結果
	14104019	DNA メチル化による不活性化遺伝子群の解析 (ヒト癌細胞ゲノムでの研究)	吉川 浩英((財)癌研究会・癌研究所エピジェネシス発がん研究部・部長)	B
(意見等) 本研究は、RLGS によって同定された 60 個の DNA 断片について DNA クローニングし、ヒト肝癌における DNA メチル化と、遺伝子の不活性化を系統的に解析することを目的としている。すでに過去 2 年間で 31 個の DNA クローニングを終え、メチル化、不活性化の検索も 10 個を検討し終えている。そのうち 5 個については機能解析も行われ、増殖抑制作用を認めている。本研究では網羅的にメチル化不活性化遺伝子を探索することが、その中心であり、精力的な努力は認められるが、発表論文数にも見られるとおり、全般的な解析の迅速化が求められる。また、インパクトの大きい機能解析に要する時間も考慮し、より効率的な研究の推進を心掛ける必要がある。				