

課題番号	研究課題名	研究代表者	評価結果
16101006	癌における転写ネットワーク変異の体系的 解明	油谷 浩幸 (東京大学・先端科学 技術研究センター・教授)	A+

本研究は、がんの発生から進展に関与する転写制御関連遺伝子(変異)の同定と機能解析、そのために必要な解析アルゴリズムの開発を通じて、がんにおける転写調節ネットワーク異常の体系的解明を当初目的として始められた。この目的を達成するために、研究代表者は当初から大規模なゲノム関連情報を基盤とするシステム生物学的なアプローチをとっており、実験系研究者と情報系研究者からなる共同研究組織を構築するなどの方策を講じている。一方、世界規模で見ると、ゲノム科学分野の研究は急速に発展しており、また、それを支える技術開発と実用化のスピードも大きい。このため、本研究において、あえてデータの統合化を急ぐことなく、包括的解析技術の開発に努力を注いだことは、将来における研究の展開とコミュニティへの貢献という意味でも適切な判断であったものと評価できる。

本研究の重要な成果として、国際共同研究の一員として論文発表したヒトゲノムのコピー数多型に関する研究がある。この成果は、ヒトゲノム構造多型研究として学術的価値が高いことはもとより、その後続く、がんを含むゲノム研究における標準的な解析手法の一つとなっている。本研究で進められてきたゲノムに軸足を置いた研究は、がん研究だけにとどまるものではなく、エピゲノムや転写ネットワーク、構造多型など広く生命現象の理解に波及するものであり、我が国におけるこの分野のトップランナーの一人として、関連分野への貢献が期待されるものであり、ゲノム科学分野において基盤研究 (S) として期待以上の研究の進展があったと判断した。