

遺伝子発現解析プロジェクト

Expression Analysis of Human Genes

(研究プロジェクト番号: JSPS-RFTF 96L00104)

プロジェクトリーダー

大久保公策 大阪大学細胞生体工学センター・助教授

コアメンバー

伊藤 隆司 東京大学医科学研究所・助手



1. 研究目的

- ヒト及びマウスに関して遺伝子発現情報を網羅的に集める為の遺伝子末端配列の収集
- ヒト及びマウスの解剖学的遺伝子発現量の測定
- 測定結果のデータベース化による、将来も利用可能なゲノム情報資源の作成
- 高精度の遺伝子発現定量法の開発
- 酵母のツーハイブリッド系を用いて遺伝子産物間の相互作用のネットワークを描出する。

2. 研究成果概要

ヒト・マウスあわせて 103 の臓器組織からの 21 万クローンの配列を読み取り、ヒト 19000 遺伝子・マウス 17000 遺伝子の発現を捕らえて定量化した。

ともに全遺伝子数の約半数をカバーする規模であり目標を達成した。

さらにこのデータに基づいてプライマーを設計することで PCR により複数の組織間の遺伝子発現量を定量する方法 iAFLP 法を開発した。

実際に iAFLP 法を用いて、ヒト遺伝子約 10000 に対して 30 の臓器組織での遺伝子発現を定量し、データベース化した。

(<http://bodymap.ims.u-tokyo.ac.jp>)

データベース公開は東京大学医科学研究所の森下真一研究室の協力で行い、公開時から 2 年間で 10 万件を超えるヒットを受け、100 箇所以上の研究所からデータのダウンロードを受ける成果を得た。

3. 結論

ヒト及びマウスのゲノム上の遺伝子機能予測を目的とした遺伝子発現の総体(トランスクリプトーム)の解析を行いデータの整理公開を行った。データは一般の研究者に任意のヒト・マウス遺伝子についてその発現様式を教示する機能と発現の特徴を与えたときに該当する遺伝子群を返す機能を持つものである。

酵母においては遺伝子間の関係を直接測定するツーハイブリッド法を用いて、DNA 結合蛋白質間の総当りの結合測定実験を行った。

ゲノム情報を理解し利用する為に配列データと独立に発現データが必要であることを終

始主張してきたが、世界的に類似のデータセットや類似機能のデータベースが出現している現状から、この考えは、受け入れられたものと評価できる。他方、遺伝子発現データは個々の遺伝子研究を促進する目的の利用のみが注目されるが、遺伝子発現データ自身の中にある拘束を見つけることで、発現の法則を求めような態度の研究の萌芽となると期待できる。

主な発表論文

- (1) S. Kawamoto, T. Ohnishi, H. Kita, O. Chisaka, K. Okubo, "Expression profiling by iAFLP: A PCR-based method for genome-wide gene expression profiling," *Genome Res.*, 9 (1999) 1305-12
- (2) S. Kawamoto, J. Yoshii, K. Mizuno, K. Okubo, 他 3 名, "BodyMap: a collection of 3' ESTs for analysis of human gene expression information," *Genome Res.*, 10 (2000) 1817-27
- (3) T. Hishiki, S. Kawamoto, S. Morishita, K. Okubo, "BodyMap: a human and mouse gene expression database," *Nucleic Acids Res.*, 28 (2000) 136-138
- (4) J. Sese, H. Nikaidou, S. Kawamoto, Y. Minesaki, S. Morishita, K. Okubo, "BodyMap incorporated PCR-based expression profile data and a gene ranking system," *Nucleic Acids Res.*, 29 (2001) 156-158