

採用年度	種別	分科細目	採用番号
平成15年度	拠点形成促進型	生物科学 発生生物学	15004

研究交流課題名 (和文) アフリカツメガエル/ニシツメガエルを用いた機能ゲノム学の推進
 (英文) Promotion of functional genomics with *Xenopus laevis* / *tropicalis*

研究交流課題に係るホームページ <http://www.nibb.ac.jp/~morphgen/C2Cproject/index.html>

経費支給期間 平成16年2月1日 ~ 平成18年1月31日(24ヶ月)

実施組織

日本側実施組織

拠点機関	自然科学研究機構
コーディネーター所属部局	基礎生物学研究所
コーディネーター職・氏名(フリガナ)	教授・上野直人(ウエノナオト)
協力機関数	1

相手国側実施組織 1

国名	英国
拠点機関	The Wellcome Trust/ Cancer Research UK Gurdon Institute
コーディネーター所属部局	Institute of Cancer and Developmental Biology
コーディネーター職・氏名	Wellcome Senior Research Fellow・Enrique Amaya
協力機関数	4

相手国側実施組織 2

国名	米国
拠点機関	University of California, Irvine
コーディネーター所属部局	Department of Developmental & Cell Biology
コーディネーター職・氏名	Professor・Ken W. -Y. Cho
協力機関数	4

相手国側実施組織 3

国名	カナダ
拠点機関	University of Calgary
コーディネーター所属部局	Department of Biological Science
コーディネーター職・氏名	Associate Professor・Peter D.Vize
協力機関数	0

本年度の研究交流実績

(共同研究)

研究成果

アフリカツメガエルについては、日本側(上野直人)より供与した cDNA セットを高密度に配列させたマイクロアレイがカリフォルニア大学アーバイン校(Ken Cho)によって作製され、ドイツなど世界の数研究室との共同研究に用いられており、その成果はすでに論文として報告されている。また、その解析結果に基づいた遺伝子機能解析のために、日本よりその cDNA を配布するしくみが整備されたため、発現解析から機能解析までをシームレスに行う環境が整いつつある。

進捗・交流状況

アフリカツメガエル、ニシツメガエルの両モデル両生類の EST、cDNA 収集に関しては、順調に推移し、とくにニシツメガエル EST は、他のモデル動物を凌駕し、ヒト、マウスに次ぐ数となっている。また、アフリカツメガエルの完全長 cDNA 約 3,000 遺伝子についても配列情報の解読が完了し、データベースに公開された。これら 3,000 遺伝子の時間的空間的発現プロフィールについても解析をほぼ終了しており、一部については公開している。これら遺伝子発現情報は、co-chair であるカルガリー大学の Peter Vize らによって構築、運営されているデータベース Xenbase 中の三次元による可視化データベースに統合すべく、供給される予定である。

(セミナー)

平成17年1月8日に岡崎コンファレンスセンターで、国際ワークショップ “Promotion of *Xenopus* functional genomics” を開催した。特別招待講演者として、アフリカツメガエル(*Xenopus laevis*)を用いて脊椎動物としては初めて体細胞クローン動物の作出に成功した Dr. J. B. Gurdon (英国 The Wellcome Trust/ Cancer Research UK Gurdon Institute) と初期発生過程における rRNA 遺伝子や甲状腺ホルモンによる変態の分子メカニズムの研究で知られる Dr. D. D. Brown (Carnegie Institute) を迎え、「遺伝子のリプログラミング」、「オタマジャクシからカエルへの変態」といったゲノム時代にあって未解明のまま残された生物学の諸問題についての講演の後、国内外の研究者16名による *Xenopus* を用いた機能ゲノム学の現状と将来の方向性についての講演、討論を行った。同領域の次世代を担う若手研究者、大学院生ばかりでなく、他のモデル生物の研究者、バイオインフォマティクス研究者など総勢150名を超える参加者により、ポスターセッションも含め積極的な意見交換が行なわれ、今後のこの分野の興隆を期待させる有意義な会議となった。

(研究者交流)

第10回国際 *Xenopus* 会議(米国、ウッズホール)へ大学院生を派遣し、会議出席、ポスター発表をとおして他国研究者との交流を促した。

年度計画の達成状況（自己評価）

日本側（上野直人）では目標とする約 3,000 の完全長 cDNA に関する塩基配列、時空的発現プロフィールに関するデータ収集はほぼ予定通り完了し、目標をほぼ達成できた。マイクロアレイ解析に関しても co-chair による大量生産の準備が整いつつあり、協力研究者による大量データ解析の成果が得られつつある。また、国際ワークショップを開催したことによって、今後の各 co-chair の役割分担、co-chair 間の連携すべき点、コミュニティの協力が必要な部分が明確になった。

次年度以降の展望（計画目標の達成に向けた課題）

次年度は日本側で収集した、約 3,000 の遺伝子発現情報の画像データをカナダ、カルガリー大学（Peter Vize）に提供し、*Xenopus* に関する国際的データベース Xenbase に統合し、Web 上で閲覧可能にすることを目標にする。平成17年5月にはフランス、日本、英国、米国の研究者がカルガリーに集まり、データ統合に関する会議を開催する予定になっている。また、次年度はとくにニシツメガエルのゲノム解読が完了するため、そのゲノム情報の有効活用のために、アフリカツメガエルの機能ゲノム学との連携に関する基盤整備が必要となる。