

平成 22 年 6 月 10 日現在

研究種目：特定領域研究
 研究期間：2005～2009
 課題番号：17018030
 研究課題名（和文） 比較ゲノム解析による進化・多様性のゲノム基盤の解明支援
 研究課題名（英文） Comparative Genomics Toward Understanding Genomic Bases of Evolution and Bio-Diversity: Support Groups

研究代表者

藤山 秋佐夫 (FUJIYAMA ASAO)
 国立情報学研究所・情報学プリンシプル研究系・教授
 研究者番号：60142311

研究成果の概要（和文）：本班は、特定領域研究「比較ゲノム解析による進化・多様性のゲノム基盤」で行う研究活動のうち、共通性が高く高度な経験を必要とするリソース整備、クローンスクリーニング、情報統計処理等を支援するために設置された支援班である。支援の成果として、ナメクジウオなどの重要種のゲノム解読の成功、新型シーケンサによる環境メタゲノム研究などがあげられる。本支援班の活動は、ゲノム科学の新たな展開を進めるための基盤形成と特定領域研究全体の進展に大きな寄与を果たした。

研究成果の概要（英文）：The major objective of this group is to support activities of “Comparative Genomics Toward Understanding Genomic Bases of Evolution and Bio-diversity” research group through DNA sequencing, library construction, library screening, informatics, and *etc.* We successfully analyzed genomes of amphioxus, for example, and other genomes. We also incorporated massively parallel genome analyzer to support conducting new generation genomics such as environmental genomics of symbiosis.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2005 年度	186,060,000	0	186,060,000
2006 年度	141,800,000	0	141,800,000
2007 年度	151,300,000	0	151,300,000
2008 年度	151,970,000	0	151,970,000
2009 年度	149,700,000	0	149,700,000
総計	780,830,000	0	780,830,000

研究分野：ゲノム科学

科研費の分科・細目：ゲノム科学・基礎ゲノム科学

キーワード：ゲノム、比較ゲノム、ゲノム情報、染色体、マイクロアレイ

1. 研究開始当初の背景

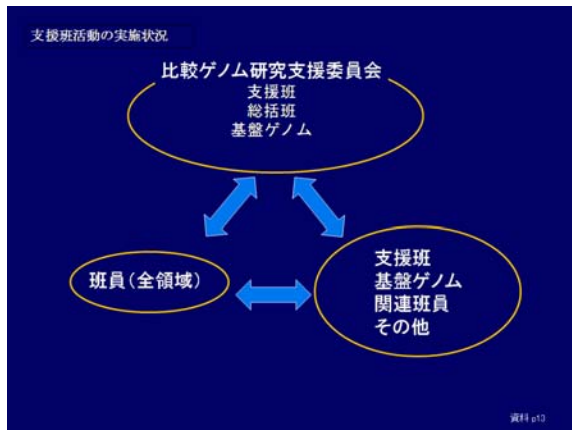
比較ゲノム研究は、多様な生物種のゲノム構造情報や機能情報を比較解析し、それらを有機的に結合させることで研究が進展する。比較ゲノム領域に設置された本支援班はゲノム4領域全体を対象とし、1) 特別な技術や

設備が必要、2) 個別の研究班で対応するよりは領域全体として対応する方がふさわしい、3) 各分野のエキスパートの協力を必要とする項目について、領域の研究推進に必要な研究支援を行う。本支援班の機能を有効に利用することにより、比較ゲノム研究に特徴

的な最新の技術や設備へのアクセスと、各分野の専門家との密接な交流が可能になり、各班における研究の質と効率の向上が期待された。

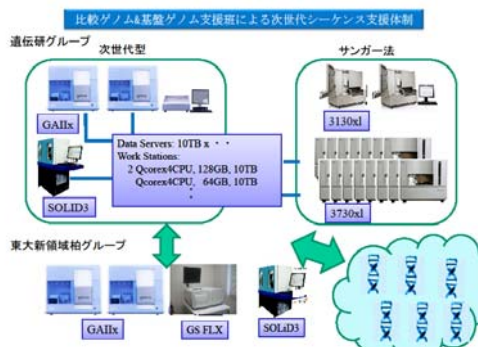
2. 研究の目的

本支援班は、ゲノム特定領域全体の研究の一層の高度化と効率化を目的に設置されたもので、細胞、ライブラリ等の研究用リソースの整備・作成支援、シーケンシングや配列解析などのゲノム基盤情報作成支援、マイクロアレイ実験等の実験技術に関する助言・支援を行う。



3. 研究の方法

本支援班は、まず「比較ゲノム領域」の計画研究班を対象に2005年度の活動を行い、その後2006年度からゲノム4領域の全研究班を対象とするよう支援対象を拡大した。本支援班は基盤ゲノム菅野班、小原班とも密接な連携を持って運営しており、ゲノム研究に関わる広範囲な研究支援を可能にしている。また、2007年度には菅野班、2008年度には本支援班に次世代シーケンサとしてイルミナ社製ゲノムアナライザを導入し、本格的な支援活動



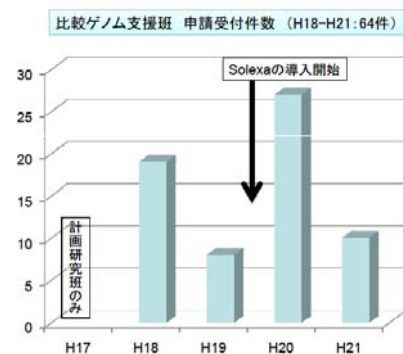
に提供している。

班員からの支援要請は、本支援班員と領域内総括班員で構成される比較ゲノム支援委員会で受け付け、下記の方針にもとづいて審査を行うと共に、申請者に対する支援実施上の助言を行った。支援課題の選定に当たっては、

国内研究者の収束状況、国際的なプレゼンス、予算状況などを考慮し、支援委員会で検討した後、基盤ゲノム各班と支援実施の可能性について協議した後に支援の内容と優先度を決定した。また申請内容に応じ、適当な協力先をご紹介する場合もあった。

4. 研究成果

本研究班は総括班であるため、研究は実施していない。期間全体で行った支援は、BACライブラリ、フォスミドライブラリの作成とスクリーニング、(全長)cDNAライブラリ作成、シーケンシングと配列解析、マイクロアレイ講習会、材料の持ち込みによるアレイ作成支援等の多岐にわたっており、総依頼件数は61件に上った。

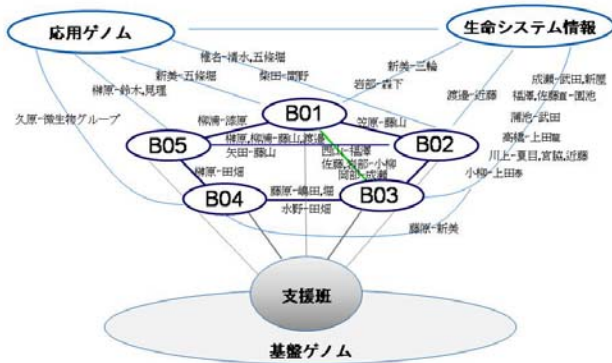


ゲノム4領域の全研究班代表に対して以下のアナウンスを行っている。

「領域2「比較ゲノム」には、「比較ゲノム解析による進化・多様性のゲノム基盤の解明支援」班が設けられており、細胞、ライブラリ等の研究用リソースの整備・作成支援、シーケンシングや配列解析などのゲノム基盤情報作成支援、マイクロアレイ実験等の実験技術に関する助言・支援を予定しております。昨年度は、BACライブラリ、フォスミドライブラリの作成とスクリーニング、(全長)cDNAライブラリ作成、シーケンシングと配列解析、マイクロアレイ講習会、材料の持ち込みによるアレイ作成支援等を他の支援班、「基盤ゲノム」各班との協力の下に実施し、相当な成果を上げることができています。支援班は特定領域研究にユニークな活動であり、班員の皆様には是非有効に活用いただいて成果につなげていただきたいと思います。つきましては、全領域の研究代表者を対象に、下記の要領で支援の希望についてお聞きしたいと思います。分担班員の先生には代表者からご連絡をいただき、代表者経由でお申し込み下さい。具体的な支援につきましては、国内研究者の収束状況、国際的なプレゼンス、予算状況などを考慮し、支援委員会で検討した後、

基盤ゲノム各班とも相談した上で内容と順位を決定いたします。また、状況によりましては経費の一部負担、マンパワーの提供をお願いする場合もある他、適当な協力先をご紹介する場合もありますことをご承知おき下さい。」

期間の後半には新型シーケンサを用いる支援依頼が急増したことが大きな特徴である。また支援活動を核とし、領域内外での共同研究が促進されたことも特記すべき成果の一つである。



5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計4件)

- ① Goto H, Watanabe K, Araragi N, Kageyama R, Tanaka K, Kuroki Y, Toyoda A, Hattori M, Sakaki Y, Fujiyama A, Fukumaki Y, Shibata H. The identification and functional implications of human-specific BMC *Evol Biol.* 9:224 (2009)、査読有
- ② The International Silkworm Genome Consortium : The genome of a lepidopteran model insect, the silkworm *Bombyx mori*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology* 38(12; Special Issue on the Silkworm Genome), 1036-1045 (2008)、査読有
- ③ Stefan A. Rensing, Daniel Lang, Andreas D. Zimmer, Astrid Terry, Asaf Salamov, Harris Shapiro, Tomoaki Nishiyama, Pierre-François Perroud, Erika Lindquist, Yasuko Kamisugi, Takako Tanahashi, Keiko Sakakibara, Tomomichi Fujita, Kazuko Oishi, Tadasu Shin-I, Yoko Kuroki, Atsushi Toyoda, Yutaka Suzuki, Shin-ichi Hashimoto, Kazuo Yamaguchi, Sumio Sugano, Yuji Kohara, Asao Fujiyama et al.: The genome of the moss *Physcomitrella patens* reveals evolutionary insights into the conquest of land by plants. *Science* 319, 64-69 (2008)、査読有
- ④ Putnam NH, Butts T, Ferrier DE, Furlong RF, Hellsten U, Kawashima T, Robinson-Rechavi

M, Shoguchi E, Terry A, Yu JK, Benito-Gutiérrez EL, Dubchak I, Garcia-Fernández J, Gibson-Brown JJ, Grigoriev IV, Horton AC, de Jong PJ, Jurka J, Kapitonov VV, Kohara Y, Kuroki Y, Lindquist E, Lucas S, Osoegawa K, Pennacchio LA, Salamov AA, Satou Y, Sauka-Spengler T, Schmutz J, Shin-I T, Toyoda A, Bronner-Fraser M, Fujiyama A, Holland LZ, Holland PW, Satoh N, Rokhsar DS. The amphioxus genome and the evolution of the chordate karyotype. *Nature* 453, 1064-1071 (2008)、査読有

[学会発表] (計16件)

- ① 藤山 秋佐夫: ヒトとチンパンジーの個人ゲノム解読、生物多様性国際会議「霊長類のゲノム多様性研究」、京都大学霊長類研究所主催(2010年3月4~6日、犬山国際観光センター、犬山市)
- ② 藤山 秋佐夫: 超大規模配列決定がもたらす生命研究へのインパクト、日本分子生物物理学会春期シンポジウム (2009年5月12日、宮崎国際会議場、宮崎市)
- ③ 藤山秋佐夫: 超大規模シーケンシングが開く新しい生物学への扉、イルミナ GA セミナー(2009年7月7日、東京フォーラム、東京都)
- ④ 藤山 秋佐夫: 次世代シーケンサによるゲノム解読、日本人類遺伝学会第54回大会 (2009年9月25日、グランドプリンスホテル高輪、東京都)
- ⑤ 藤山 秋佐夫、豊田 敦、黒木 陽子: 次世代シーケンシングがもたらす比較ゲノム研究の進展、第32回日本分子生物学会 (2009年12月10日、横浜国際会議場、横浜市)
- ⑥ 藤山 秋佐夫: 超高速シーケンシングが拓く個人ゲノム解読の時代、日本臨床化学会北海道支部総会(2009年12月19日、札幌市)
- ⑦ 藤山 秋佐夫: 超並列型シーケンサが与えるインパクト・日本分子生物学会年会シンポジウム・神戸国際会議場・神戸市・2008年12月11日
- ⑧ 藤山 秋佐夫: ゲノムが教えてくれる生物のすがた・日本分子生物物理学会春期シンポジウム市民講演会・慶應婦ラサホテル札幌・札幌市・2008年5月25日
- ⑨ 藤山 秋佐夫: ヒトとチンパンジーの比較ゲノム研究から見えること・第27回日本医学会総会・大阪国際会議場・大阪市・2007年4月6日
- ⑩ 藤山 秋佐夫: 日本分子生物学会2006フォーラム(2006年12月、名古屋国際会議場、名古屋市)

〔図書〕(計14件)

- ① 黒木 陽子、藤山 秋佐夫:ヒトとチンパンジーの比較からゲノム機能を解明する(特集 ゲノム機能の進化)(2009) 実験医学、27、3087-3092、羊土社
- ② 黒木 陽子、藤山 秋佐夫(分担執筆):第21章 ゲノムと遺伝子解析「医学のための細胞生物学、永田和弘、塩田浩平編」(2009)、南山堂
- ③ 藤山 秋佐夫(分担執筆):霊長類がわかる、「研究をささえるモデル生物—実験室いきものガイド」、pp14-21、(2009)、化学同人
- ④ 小原雄治、藤山 秋佐夫:DNAシーケンシング、特集「国立遺伝学研究所60年の歩みを映して」、(2009) 遺伝 63、97-105
- ⑤ 豊田 敦、藤山 秋佐夫:ゲノム再配列決定をいかに行なうか(特集 次世代高速シーケンサーの応用と情報解析)(2009) 蛋白質核酸酵素、54、1271-1275
- ⑥ 豊田 敦、藤山 秋佐夫:次世代シーケンサーによるゲノム解読と今後の動向、実験医学増刊「疾患遺伝子の探索と超高速シーケンサーパーソナルゲノム時代の疾患解明と治療戦略、辻省次編」(2009) 実験医学 27、1929-1935
- ⑦ 黒木 陽子、野口 英樹、豊田 敦、藤山 秋佐夫:ヒトと霊長類の比較ゲノム:近縁種との比較から見るヒトゲノムの特徴、(2007) 細胞工学別冊(比較ゲノム学から読み解く生命システム、監修 藤山 秋佐夫)、秀潤社、pp43-49
- ⑧ 黒木 陽子、藤山 秋佐夫:ヒトーチンパンジーY染色体の常染色体よりも早い進化 male-driven evolutionの可能性、(2007) 遺伝 別冊No20、138-143 裳華房
- ⑨ 渡邊 日出海、藤山 秋佐夫:ヒトへの進化のゲノム基盤、ヒト・霊長類の比較ゲノム解析、(2007) 実験医学 25、226-231
- ⑩ 藤山 秋佐夫:生命の秘密に挑戦するゲノムインフォマティクス~人間とチンパンジーの違いを読み解く、(2006) 情報通信ジャーナル 24、30-31
- ⑪ 藤山 秋佐夫:霊長類の比較ゲノム学、(2006) 実験動物ニュース 55、25-28
- ⑫ 黒木 陽子、野口 英樹、豊田 敦、藤山 秋佐夫:ヒトゲノム配列決定の内容と意義、ヒトとチンパンジーの比較ゲノム、(2005) 蛋白質核酸酵素 50、2072-2077.
- ⑬ 黒木 陽子、野口 英樹、豊田 敦、藤山 秋佐夫:ヒトと霊長類の比較ゲノム:近縁種との比較から見るヒトゲノムの特徴、(2005) 細胞工学 24、978-983
- ⑭ 藤山 秋佐夫、根岸 正光、高野 明彦、安達 淳:バイオ・情報の最前線 (2005)

丸善ライブラリー371

〔その他〕

ホームページ等

<http://www.genome-sci.jp/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

藤山 秋佐夫 (FUJIYAMA ASAO)

国立情報学研究所・情報学プリンシプル研究系・教授

研究者番号: 60142311

(2) 研究分担者

堀 寛 (HORI HIROSHI)

名古屋大学大学院・理学研究科・教授

研究者番号: 60116663

岸野 洋久 (KISHINO HIROHISA)

東京大学大学院・農学生命科学研究科・教授

研究者番号: 00141987

遠藤 秀紀 (ENDO HIDEKI)

京都大学・霊長類研究所・教授

研究者番号: 30249908

石田 貴文 (ISHIDA TAKAFUMI)

東京大学大学院・理学系研究科・准教授

研究者番号: 20184533

黒木 陽子 (KUROKI YOKO)

理化学研究所・基幹研究所・研究員

研究者番号: 10344037

豊田 敦 (TOYODA ATSUSHI)

国立遺伝学研究所・生物遺伝資源情報総合センター・特任准教授

研究者番号: 10267495

久原 哲 (KUHARA SATOSHI)

九州大学大学院・農学研究科・教授

研究者番号: 00153320

笠原 雅弘 (KASAHARA MASAHIRO)

東京大学大学院・新領域創成科学研究科・講師

研究者番号: 60376605

鈴木 穰 (SUZUKI YUTAKA)

東京大学大学院・新領域創成科学研究科・准教授

研究者番号: 40323646

(3) 連携研究者

該当なし