

科学研究費助成事業（基盤研究（S））研究進捗評価

課題番号	22221009	研究期間	平成22年度～平成26年度
研究課題名	ヒト染色体動態の全体像解明に向けた染色体情報システムの構築	研究代表者 (所属・職) (平成27年3月現在)	白髭 克彦 (東京大学・分子細胞生物学研究所・教授)

【平成25年度 研究進捗評価結果】

評価	評価基準
A+	当初目標を超える研究の進展があり、期待以上の成果が見込まれる
○	A
A-	当初目標に向けて概ね順調に研究が進展しており、一定の成果が見込まれるが、一部に遅れ等が認められるため、今後努力が必要である
B	当初目標に対して研究が遅れており、今後一層の努力が必要である
C	当初目標より研究が遅れ、研究成果が見込まれないため、研究経費の減額又は研究の中止が適当である

(意見等)

当初研究目的のうち、染色体情報解析システムとして開発された **DROMPA** は、本研究で進行中の研究に広く利用されて複数の論文発表に至る成果を上げており、高く評価できる。一方、研究目的のうち実験研究に関わる部分ではヒト染色体の基本構築と動態の分子基盤の全体像の解明を目指すことになっているが、それ自体は重要な発見で大きな成果ではあるもののコヒーシンと **Hdac8** の成果が強調されており、それ以外のタンパクについての解析と検証は今後の課題として残されている。**ENCODE** 計画の成果も続々と発表され始めており、日本を代表する基盤研究（S）の研究として、再度「ゲノム機能」の観点から今後の計画を推進してほしい。

成果の公開状況、研究組織についての問題はないが、研究費については、複数の研究資金が投入されているプロジェクトであるため、成果の取りまとめに当たっては難しいとは思いますが切り分けも必要だろう。

【平成27年度 検証結果】

検証結果	当初目標に対し、期待以上の研究成果があった。
A+	具体的には、コヒーシンが巨大複合体 SEC と相互作用し転写の伸長反応そのものを制御していることを発見し、さらに、コンデンシンが染色体分配に有害な染色体構造を除去するメカニズムを発見したことなどが挙げられる。これにより、研究進捗評価時に懸念されたゲノムワイドな解析の不足という問題点も解消された。
	これらの研究成果は、数多くのトップジャーナルに公表されており、成果の公表という面でも申し分ない。この分野で日本を代表する研究者として、世界に成果を発信できたと判断できる。