

マウス遺伝子エンサイクロペディア・インデックス

- マウス遺伝子 2万種類の部分塩基配列データを公開 -

理化学研究所（理事長:小林俊一）ゲノム科学総合研究センター（所長:和田昭允）の遺伝子構造・機能研究グループ（プロジェクトリーダー:林崎良英）は、全長鎖 cDNA の単離などに係る独自技術を用いて集積してきたマウス遺伝子約 2 万種類（新規 5 千種類を含み、全遺伝子のおよそ 20%に相当）の末端部分の塩基配列データを、本年 1 月 12 日から次のホームページで公開する。

(<http://genome.rtc.riken.go.jp/>)

今回の成果は、医学・生物学等様々な分野で期待されている「遺伝子エンサイクロペディア（全遺伝子辞書）」の実現を加速するものとなる。また、本インデックスに相当する遺伝子の断片等を持っている研究者が、その全長鎖遺伝子を検索するのに活用できるものと期待している。

今後カタログ化データを増やすとともに、各遺伝子の全塩基配列、染色体位置情報、機能情報などを追加し、「遺伝子エンサイクロペディア」としての完成を目指していく。

マウスは、遺伝子が約 10 万種類あると予測され、ヒトの遺伝子とほとんど同じであること、ヒトでは取れないライフサイクル全てのステージの遺伝子が取れること、実験的にも扱いやすいことなどからヒトのモデル動物とされている。このため、マウスの遺伝子のすべてを取り出して、「遺伝子エンサイクロペディア」を作成することは非常に重要である。

「遺伝子エンサイクロペディア」の完成は、医学・生物学上必要な遺伝子単離という煩雑な操作から研究者が解放され、研究そのもののスタイルを一変させる可能性を秘めている。たとえば医学の分野においては、医療・診断・製薬などの手法に多大の影響を与えると予想される。

「遺伝子エンサイクロペディア」の作成には、膨大な種類の全長鎖 cDNA（遺伝子と同じ塩基配列情報をもつ人工的に作成した DNA）を重複無く効率よく集めるシステムが必要である。理研では全長鎖 cDNA を効率よく取り出すために、独自に開発した技術を利用して、マウスの様々な組織から mRNA（遺伝子の情報がタンパク質として発現される過程で、情報の運び屋として転写される RNA）を単離し、逆転写反応により全長鎖 cDNA の集合体としてのライブラリーの作成に成功した。更に、これらのライブラリーをクローン化し、得られた膨大な数のクローンについて「3'末端」と呼ばれている片方から部分塩基配列決定を行い、重複のない全長鎖 cDNA を選び出すことによって、全長鎖 cDNA のカタログ化（分類）を行った。

これまでの研究において、107,088 個のクローンから、新規 5,019 種類を含めて約 2 万種類の全長鎖 cDNA のカタログ化に成功した。これは予想される全遺伝子の約 20%に相当する。公開するのは、今回カタログ化した約 2 万種類の全長鎖 cDNA 遺

伝子の部分塩基配列である。

今後、増設した解析システムを本格的に立上げ・稼働することによって、残りの遺伝子のカタログ化を加速するとともに、各遺伝子の全塩基配列、染色体位置情報、機能情報などを順次追加していくことにより、遺伝子エンサイクロペディアの早期完成を目指していく。

今回の成果は、全長鎖 cDNA 単離法などの新しい技術に支えられており、今後はこれらの技術を活用するとともに引き続き研究開発に努め、我が国ゲノム研究の一層の推進を図ることとしたい。また、今回発表するデータ及び遺伝子エンサイクロペディアが、我が国ゲノム関連産業の振興に寄与するものと期待している。

(問い合わせ先)

独立行政法人理化学研究所

ゲノム科学総合研究センター

遺伝子構造・機能研究グループ

プロジェクトリーダー

林崎 良英

Tel : 0298-36-9145 / Fax : 0298-36-9099

主 幹

渡辺 幸彦

Tel : 0298-36-9144 / Fax : 0298-36-9098

(報道担当)

独立行政法人理化学研究所 広報室

佃、吉垣

Tel : 048-467-9271 / Fax : 048-462-4715

Mail : koho@postman.riken.go.jp

資料 1 検索画面

SEQUENCE 26B10002A09tr
 CLONE 2610002A09
 LIBRARY
 SOURCE Embryo10
 IDENTICAL
 CLONES

26B00001112tr 26B00001N02tr 26B10008D04tr 26B10019H21tr
 26B10034E11tr 26B10039J20tr 26B10507B09tr 26B10509D07tr
 26B10510J22tr 27B00003003tr 27B00028H18tr 27B00029N05tr
 27B00029N20tr 27B00038A17tr 28B10004F17tr 28B10406K16tr
 31B00001A08tr

```

1 acatttgogg agactagtga oggcatttac ttaagtatt tgaggctotgg gattttatac
61 acgaaggtgt cccagggaata cgggtgcccgo aggtttacog gaaacotttt ctaagtggaa
121 gotggggggt cgaatccagc taagagocacat ggatggagatc gggtggattt gttotogaaa
181 atgtatttat gatccagccc taogaatctg gggccogaatg gcocttggag caccocggtaac
241 cttgatgagt tggacaatca gattaagaag atgtgcoocto tggatggatg toctgtotgo
301 tggctgtagg ggaagatggt gttgtttacc gttgggtoto ttottgtoto gtaagggttt
361 ctttgtttgt gaactgtoat ttggactttt ctttaattca tacgtataac ttaattaaca
421 tgtaaatatt attoccatat aatttaatat aattotgtat atgtgcagaa aaaaaaaa
    
```

Align	Similar sequence entries	Score	P-value
	gi 1575289 U58633 MMU58633 Mus musculus p34 cdc2 kinase mRNA, complete cds.	378	5.30e-29
	gi 57533 X60767 RRDCDC2MR R. norvegicus mRNA for cdc2 promoter region.	337	3.30e-25

資料 2

「遺伝子エンサイクロペディア(全遺伝子辞書)」の作成

