

## 新 ENCODE 計画に参加

### - 新規 RNA の同定にむけて協力 -

独立行政法人理化学研究所（野依良治理事長）は、米国国立衛生研究所（NIH）が主導するヒトのゲノム機能の解明に特化した世界的な大規模プロジェクト新 ENCODE<sup>\*1</sup>に参加することを決めました。ゲノム科学総合研究センター（榎佳之センター長）遺伝子構造・機能研究グループ（林崎良英プロジェクトディレクター）が、「ヒトにおけるトランスクリプトームの総合的解析」という研究課題で、Thomas Gingeras（トーマス・ジンジェラス）博士（米国アフィメトリックス社）を中心とする研究グループのメンバーとして加わることが、2007年10月1日に NIH に認められ、決定しました。この研究グループは、米国、欧州、シンガポールなどから7研究機関が加わる大規模なものです。

### 概 要

2007年10月10日、NIHは、現行の ENCODE プロジェクトを拡大し、ヒトゲノムの機能解析をさらに進めることを発表しました。理研ゲノム科学総合研究センター遺伝子構造・機能研究グループでは、これまでも CAGE<sup>\*2</sup> データを提供することで、ENCODE プロジェクトに参加・協力してきましたが、今回の拡大プロジェクトでも、「ヒトにおけるトランスクリプトームの総合的解析」の研究を推進する立場で参加することが決定しました。ENCODE プロジェクトは、2007年6月14日付の『*Nature*』において、ヒトゲノムの93%の領域が利用されていることや、多くの非タンパク質コード RNA について報告しており、同研究グループの先駆的な報告を実証するとともに、ゲノムについての理解をさらに深める役割を果たしました。（参考：2007年6月14日 研究成果：米国「ENCODE 計画」に遺伝子構造・機能研究グループが独自の技術で貢献）

研究グループでは、今後4年間で、CAGE 法やマイクロアレイなどを用いて、タンパク質をコードする RNA とタンパク質をコードしない RNA を収集し、転写開始点、選択的スプライシングサイトなどを同定することを目標としています。理研では、同研究グループが中心となって、CAGE 法を主体的に使用して、とくにポリ A 末端<sup>\*3</sup>を持たない RNA を集中的に収集・解析します。ポリ A 末端のない RNA は、これまでほとんど解析の対象となっていなかったことから、未知の RNA の性質や機能の発見に結びつく可能性があります。このプロジェクトに参加することで、1,000 個以上の新規 RNA が見出されると予想されており、生体内に存在する多様な RNA の新たな一面が明らかになると期待されます。これらの知見は、生命を分子レベルで理解するための重要な基礎の一部となります。

※NIH プレスリリース (<http://www.nih.gov/news/pr/oct2007/nhgri-09.htm>)

(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

プロジェクトディレクター 林崎 良英 (はやしざき よしひで)

Tel : 045-503-9222 / Fax : 045-503-9216

横浜研究所 研究推進部 企画課

Tel : 045-503-9117 / Fax : 045-503-9113

(報道担当)

独立行政法人理化学研究所 広報室

Tel : 048-467-9272 / Fax : 048-462-4715

Mail : koho@riken.jp

## <補足説明>

### ※1 ENCODE プロジェクト

ENCODE (ENCyclopedia Of DNA Elements) プロジェクトは、ヒトゲノムのプロモーター配列、制御領域、およびゲノム DNA に結合するタンパク質因子の同定などを行うもので、米国 NIH が主導する世界規模のプロジェクト。2003年に開始したプロジェクトでは、ゲノムの1%の領域に集中して試験的な解析を行い、その結果を『*Nature*』(2007年6月14日号)に発表した。

### ※2 CAGE

Cap Analysis of Gene Expression の略。耐熱性逆転写酵素や cap-trapper 法を組み合わせ、転写物の5'末端から20塩基のタグ配列を切り出し、塩基配列を決定する実験技法。RNAの多様性やプロモーターの同定に強力な解析法である。

### ※3 ポリ A 末端

RNAポリメラーゼ II によって転写された RNA には、3'末端に約200塩基のアデニル酸が次々に付加される。この部分をポリ A 末端とよぶ。