

## 「ゲノムから情報を引き出す～RNA 新大陸からオーダーメイド医療まで～」 文部科学省「情報ひろば」の科学技術・学術展示室で、企画展示を3月 26日から開催

独立行政法人理化学研究所（以下、理研）（野依良治理事長）は、2008年3月26日から、旧文部省庁舎（東京・霞ヶ関）に設置された展示スペース「情報ひろば」にある科学技術・学術展示室において、企画展示「ゲノムから情報を引き出す～RNA 新大陸<sup>\*1</sup>からオーダーメイド医療まで～」を開催します。本展示は、ゲノム科学総合研究センター（榑佳之センター長） 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）（2008年4月1日よりオミックス基盤研究領域）が中心となって企画しました。

理研では、1995年より「マウス遺伝子エンサイクロペディア計画<sup>\*2</sup>」を開始し、国際的な協力関係の下で、約10万3,000個もの完全長cDNA<sup>\*3</sup>のクローンを収集しました（2006年10月時点）。またその1つずつについて機能の注釈づけを行い、データベース構築を進め、1999年から順次公開してきました。このデータベースは、現在ライフサイエンス分野における国際標準として広く認知され、世界中の研究者が活用しています。最近注目されているiPS細胞の開発でも、このデータベースが役立ちました。

また、この研究は、複雑な生命現象をゲノムの情報から解明していくことを目指した「ゲノムネットワークプロジェクト<sup>\*4</sup>」へとつながり、理研では「RNA 新大陸」の発見という重要な成果を得ました（2005年9月2日プレスリリース「哺乳動物のトランスクリプトームの総合的解析による「RNA 新大陸」の発見」）。

展示では、これらの研究の意義や成果に加え、研究を推進するために独自に開発した技術について、実物や模型、オリジナルで制作した迫力の3Dコンピュータグラフィックスを駆使し、わかりやすく紹介します。さらに、最近のシーケンシング技術の飛躍的進歩や、私たちの将来の生活に貢献すると期待されるゲノム研究の一例としてオーダーメイド医療<sup>\*5</sup>の展開を取り上げ、理研が開発した遺伝子診断技術 SMAP 法<sup>\*6</sup>の診断用試薬キットを展示し、解説します（2007年2月19日プレスリリース：血液一滴から30分で薬の効き目を診断：新規遺伝子診断技術「SMAP法」を開発）。

### 1. 開催概要

- 【日 時】 2008年3月26日（水）より約3カ月（予定）
- 【場 所】 旧文部省庁舎3階 「情報ひろば」 科学技術・学術展示室
- 【展示テーマ】 ゲノムから情報を引き出す  
～RNA 新大陸からオーダーメイド医療まで～

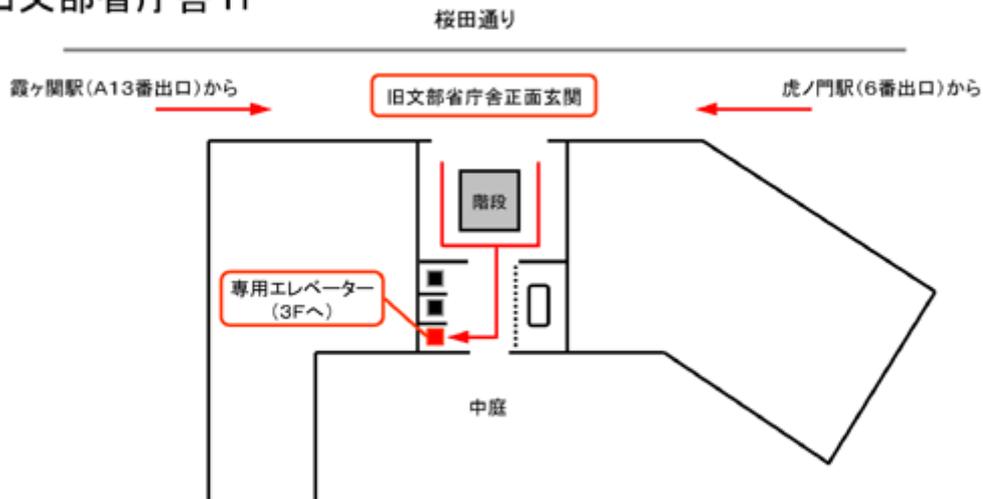
# 文部科学省周辺地図



〒100-8959 東京都千代田区霞が関3丁目2番2号

# 情報ひろば案内図

## 旧文部省庁舎1F



## 旧文部省庁舎3F

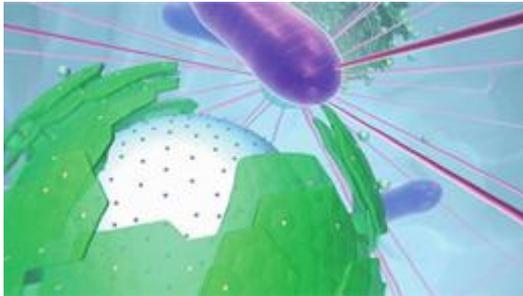


## 2. 見どころ

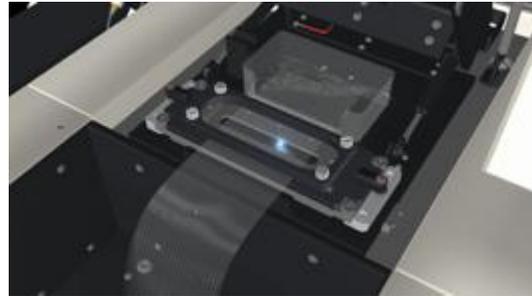
### ① オリジナル制作の 3D コンピュータグラフィックス映像

「セントラルドグマ」映像では、ゲノムの本体である DNA に記された情報から、体を形作るタンパク質ができるまでの仕組みを、迫力の 3D コンピュータグラフィックスでご紹介します。

「RISA-384 シーケンサーの仕組み」映像では、理研と独立行政法人科学技術振興機構（JST）が株式会社島津製作所と協力して 1996 年から開発した大容量 DNA シーケンサー※7（RISA [RIKEN Integrated Sequence Analyzer] シーケンサー）の「RISA - 384」が、塩基配列を読みとる仕組みを解説します。2 つの映像は、最新の知見を踏まえ、理研内外の研究者の監修の下で制作しました。



「セントラルドグマ」

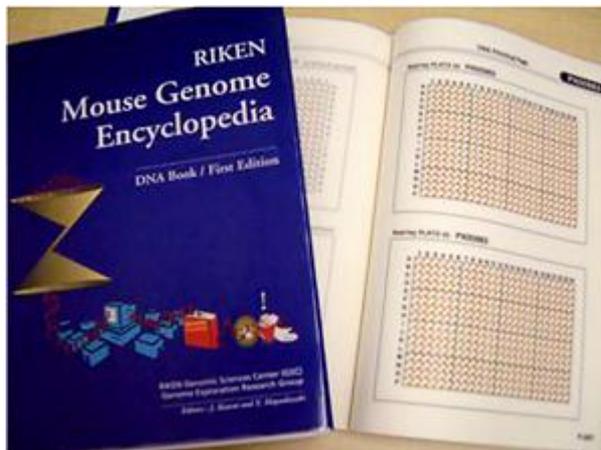


「RISA - 384」

② DNA ブック™（実物）

DNA ブック™は理研で開発した技術で、水溶性の特殊な紙に DNA をインクのように染み込ませて製本したものです。

DNA ブック™により、従来に比べて格段に簡便な手法で、DNA サンプルを流通させることができるようになりました。



「DNA ブック™」

ページの 1 つ 1 つの枠内に DNA サンプルが印刷されており、研究者は必要な部分を切り取って水に溶かし、PCRなどで DNA を増幅することによって、短時間で目的のサンプルを回収できる。

③ 実際に使用された DNA シーケンサーの部品（実物）

キャピラリーアレイカセットと呼ばれるこの部品は、RISA - 384 にセットして使うもので、DNA サンプルを注入して電気泳動させるための 384 本のキャピラリー（ガラス細管）が束ねられています。RISA の開発当時の DNA シーケンサーは 96 本キャピラリーが主流で、一度に解析できるサンプル数が 96 だったのに対し、RISA-384 ではその 4 倍の 384 サンプルを処理することができました。

理研では、この高速大容量の DNA シーケンスシステムの開発により「マウス遺伝子エンサイクロペディア計画」を遂行し、その後も研究を発展させ、「RNA 新大陸の発見」という大きな成果を得ることができました。



#### 「RISA-384」のキャピラリーアレイカセット

ガラスの細管(キャピラリー)を 384 本束ねたもので、中で DNA の解析サンプルを電気泳動させ、レーザー光で塩基配列を読み取る。

#### ④ SMAP 法の診断試薬キット (見本)

SMAP(**S**Mart **A**mplification **P**rocess)法は、理研が開発した高速 DNA タイピング技術で、個人の遺伝情報の違いをサンプルの血液から 30 分以内で検出して、迅速かつ確実な診断を行うことができます。

ここでは、肺がんに使われる抗がん剤の一種である「ゲフィチニブ (イレッサ)」がその人に効くかどうかを調べる診断試薬キットを展示します。



#### SMAP 検査キット

手術検体の直接迅速診断に優れ、横浜市立大学附属病院の専門外来で採用されている。株式会社ダナフォーム(理研ベンチャー)が販売。

(問い合わせ先)

独立行政法人理化学研究所  
横浜研究推進部 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 RNA 新大陸

理研の研究により、ゲノム DNA 上の情報をもとにタンパク質が作られる、という生命現象の基本部分において、従来 DNA 上で「ジャンク（くず）」領域と言われてきた場所からも実は大量の ncRNA（非タンパクコード RNA）が転写されており、生体内で多様な働きを担っていることがわかった。理研ではこの研究成果を、RNA 研究の大きな新分野が開けたという意味で、比喩的に「RNA 新大陸」と呼んでいる。

### ※2 マウス遺伝子エンサイクロペディア計画

生体内でのゲノム情報の働きを調べるには、実際に DNA から転写されている mRNA の情報を調べることが不可欠である。本プロジェクトでは、マウスのゲノム DNA から遺伝子として機能している部分を調べるため、DNA から転写された mRNA の「逆コピー」にあたる「完全長 cDNA」を網羅的に収集・解析した。このプロジェクトのために理研が開発した一連の完全長 cDNA 技術は、さまざまな生物種の cDNA プロジェクトなどで幅広く利用されている。

### ※3 完全長 cDNA

mRNA は分解しやすいため、逆転写酵素を使って DNA にその情報を人工的に「逆コピー」して、安定して情報を読み取れるようにする。こうして mRNA から合成された DNA を、相補 DNA (cDNA) という。完全長 cDNA とは、成熟した mRNA が持つ独特の構造である先端のキャップ構造から末尾の polyA テールまでを鋳型として合成された cDNA で、mRNA の完全な情報を持っている。

### ※4 ゲノムネットワークプロジェクト

文部科学省が 2004 年度より推進しているプロジェクトで、ゲノム機能などにかかる集中的解析と個別生命現象の解析を行い、得られた成果を統合データベースとして整備して、標的とした疾患などの原因遺伝子から発現に至るまでに関係する遺伝子やタンパク質の相互作用を、生体分子の統合的なシステムとして明らかにすることを目的としている。理研は、プロジェクトの中核機関として大量データの産出・解析、技術基盤の整備を行っている。その成果は、ライフサイエンスの根源に関わる生物学の基礎的な理解を増進するとともに、効率的なゲノム創薬および画期的な病気の治療法の開発にも貢献するものと期待されている。

### ※5 オーダーメイド医療

人の体質には個人差があり、例えば、同じ薬を投与しても、効く人・効かない人・副作用が出てしまう人などが出てくる。このような個人差をあらかじめ調べることにより、一人一人の体質に合わせた効果的な治療・投薬を行うのがオーダーメイド医療である。

### ※6 SMAP 法

理研が開発した等温 DNA 増幅法。個人の体質を調べるためには、DNA 中の 1 塩基の違い (SNP) を正確に識別して増幅する必要があるが、SMAP 法では複数の

酵素と独特な形状のプライマーを組み合わせてこの目的を達成している。血液などの臨床検体からでも DNA 精製作業を必要とせず、30 分以内と短時間で正確な診断結果が得られる。

#### ※7 DNA シーケンサー

DNA の塩基配列を自動で読みとる装置のことで、その基本概念は 80 年代初頭、当時東京大学理学部の教授であった和田昭允（理研ゲノム科学総合研究センター初代所長、現在、同研究センター特別顧問・東京大学名誉教授・お茶の水女子大学理事などを務める）により、初めて提唱された。今世紀に入ってから高速化・低コスト化など著しく技術が進展し、生物学の研究手法を一変させつつある。