

(別紙 2)

「ゲノム情報研究センター」を設立

ー 加速的に蓄積される大量のゲノム情報の有効利用の促進 ー

平成 26 年 4 月 1 日

独立行政法人 産業技術総合研究所

■ ポイント ■

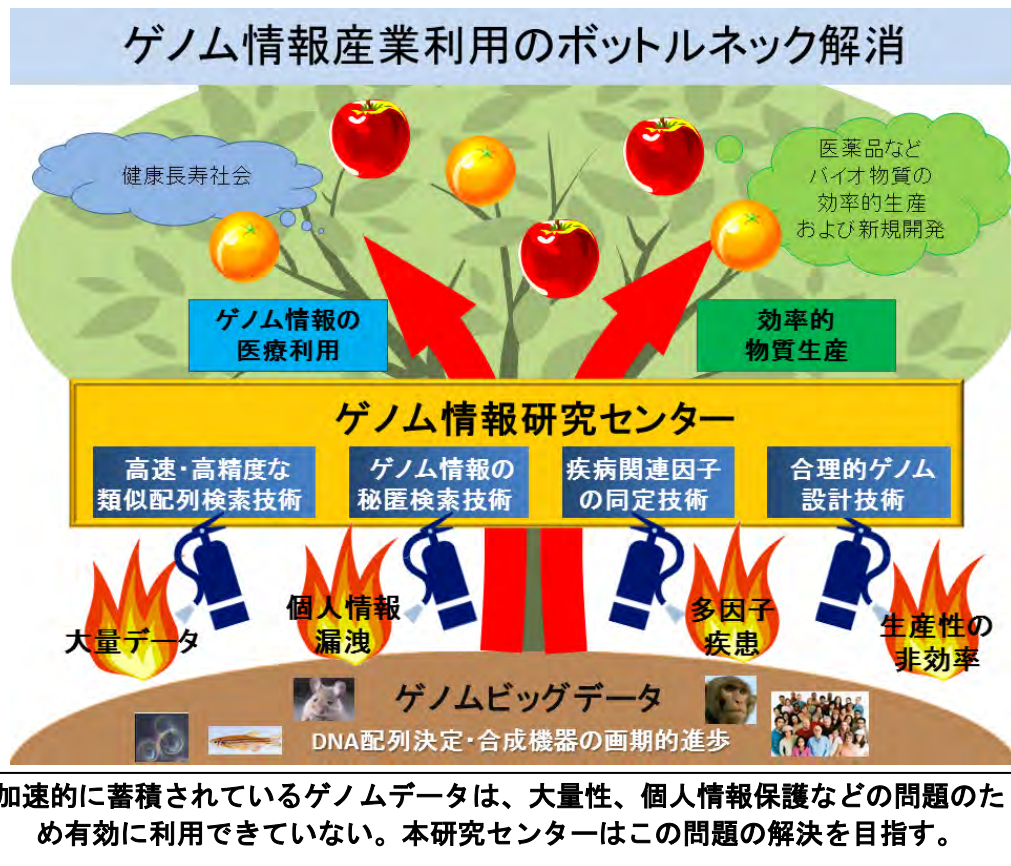
- ・ 医学研究や臨床の基盤技術となるゲノム異常の検出法および疾病因子の推定法を開発する
- ・ ゲノムデータのプライバシー保護技術の開発によりゲノム情報の利用を推進する
- ・ 効率的物質生産を可能にするゲノム設計の基盤技術を開発する

■ 概要 ■

独立行政法人 産業技術総合研究所【理事長 中鉢 良治】(以下「産総研」という)は、高度な診断・医療を目指したゲノム情報解析技術、ならびに効率的な物質生産を目指したゲノム設計技術を開発するため、ゲノム情報研究センター【研究センター長 Horton Paul】を平成 26 年 4 月 1 日に、産総研臨海副都心センター(東京都江東区)に設立した。

本研究センターは、ゲノムデータから疾病因子を推定する技術、ゲノム情報の秘匿検索技術、ならびに効率的物質生産のためのゲノム配列設計技術を開発することで、医療をはじめ各種産業現場で急速に普及が進んでいるゲノムデータの有効利用を促進し、産業活性化および健康長寿社会の実現に貢献する。

は【用語の説明】参照



■ 設立の経緯 ■

近年、「生命の設計図」であるゲノムの測定・合成機器は驚異的な進歩を遂げており、医療やバイオテクノロジー産業に不可欠なインフラになりつつある。しかし、それらの機器から生成される大量のゲノムデータの情報解析技術や目的に合ったゲノム設計技術の開発は、機器の進歩に比べて大幅に遅れている。

例えば、医療現場では、ゲノム測定の低コスト化により、個人ゲノムを考慮した疾病の予防・診断・治療の時代が始まろうとしており、本格的なゲノムコホート研究により、国内外において既に健常者および各種疾患患者のゲノム情報が蓄積されている。また、個人ゲノム事業を立ち上げている大手企業も現れてきている。しかし、個人ゲノムやがんゲノムデータが蓄積されながら、この巨大データから、どのように意味のある情報を高速・高精度に抽出するか、また情報の取り扱いにおいて個人情報の漏えいをいかに防ぐかといった未解決の問題が多数存在する。バイオテクノロジー産業においては、ゲノム合成のコストダウンに伴い、合成生物学的なアプローチによる物質生産の効率化と新規物質の生産が期待されているが、ゲノムの合理的設計技術はまだ発展途上の段階にある。

産総研では、これらのゲノムデータの有効利用のネックとなっている情報解析の問題を解決するため、本研究センターを設立した。

■ 研究センターの内容 ■

本研究センターは、以下の研究課題に取り組むことにより、ゲノムデータの有効利用を促進する。

● 疾病因子の推定技術

ゲノムデータから疾病関連因子を推定する技術を開発する。具体的には、トランスポゾンやウイルスゲノムの挿入、繰り返し配列の長短異常、低レベルに発現される異常スプライシング、DNAメチル化異常などのエピゲノム異常、検体の中の一部の細胞（がん幹細胞など）だけに見られる突然変異など、疾病に関与するさまざまなゲノム異常を高速・高精度に検出する技術を開発する。また、これらのゲノム異常は複合的に働き、疾病を引き起こすと考えられるが、その組み合わせは膨大な数になるため、新規多重検定法、タンパク質の構造・局在予測技術、生体ネットワーク解析技術を取り入れることで、効率的な疾病関連因子組み合わせ推定技術を開発する。

● ゲノム情報の秘匿検索技術

個人情報漏えいへの懸念は医療現場でのゲノム情報利用を妨げる大きな要因である。秘密計算理論をこの問題に適用し、全ゲノムにわたる遺伝子多型のデータに対してプライバシーを保護した状態で高速に秘匿検索できる技術を、産総研セキュアシステム研究部門と連携して開発する。

● 効率的物質生産のためのゲノム配列設計技術

有用物質の生産性を向上させるためのゲノム設計の基盤技術の開発を行う。具体的には、ゲノム配列情報、遺伝子発現情報、プロテオーム情報、代謝パスウェイ情報、酵素の情報など、さまざまな異なった階層のデータを横断的に解析できるシステムの構築、および新規解析手法の開発を行う。開発した手法により、新規有用遺伝子の探索や効率的物質生産に必要な制御領域と遺伝子群およびその鍵となる遺伝子の制御メカニズムの推定を行い、これらの制御ロジックに基づき転写・翻訳効率を最適化した複数遺伝子を包含したゲノム領域の設計技術を開発する。

■ 本件問い合わせ先 ■

独立行政法人 産業技術総合研究所

ライフサイエンス分野研究企画室

〒305-8568 茨城県つくば市梅園 1-1-1 中央第 2 つくば本部・情報技術共同研究棟 9F

TEL : 029-862-6032 FAX : 029-862-6048 E-mail : life-liaison-ml@aist.go.jp

【プレス発表／取材に関する窓口】

独立行政法人 産業技術総合研究所 広報部 報道室

〒305-8568 茨城県つくば市梅園 1-1-1 中央第 2

つくば本部・情報技術共同研究棟 8F

TEL : 029-862-6216 FAX : 029-862-6212 E-mail : press-ml@aist.go.jp

【用語の説明】

◆疾病因子

疾病のかかりやすさや薬の効き目などに関連する因子、特に遺伝子や遺伝子発現の異常。単独で影響する場合もあるが、二つ以上の因子が組み合わさって働くことが多い。

◆ゲノム情報

ゲノム（全遺伝子）とその発現や制御に関連するデータ。測定技術の急速な進歩により、ゲノム情報は低コストで大量に入手できるようになった。

◆秘匿検索

データベース検索の一種。データベースを提供する側とデータベースを問い合わせる側の両方のプライバシーが保証される。例えば、大腸がん患者のゲノムデータベースに対し、ゲノムのタイプが自分に近い患者が何割いるか、という問い合わせを行った場合、ユーザのゲノム情報も患者のゲノム情報も一切漏れることなく、結果を得ることができる。

◆ゲノム設計

目的に応じた遺伝子や遺伝子を制御するゲノム領域の設計。例えば、大腸菌や麹菌に特定の代謝物を大量に生産させるためのゲノム領域の設計などが行なわれている。

◆個人ゲノム

同じヒトでも個人のゲノムは少しずつ異なる。この違いは病気のかかりやすさや薬の効き目などの個人差に関係している。

◆ゲノムコホート研究

多数(千~数万人規模)の個人ゲノムを測定し、病歴など他の情報と合わせて解析する研究。

◆合成生物学

長いゲノム領域を人工的に作って生物に導入する研究分野。DNA 合成機の進歩により、近年注目されるようになった。

◆トランスポゾン

ひとつのゲノムの中で多数のコピーが存在する塩基配列の一種。例えば、Alu という約 300 塩基長のトランスポゾンは、ヒトのゲノムに約 100 万カ所に散在する。トランスポゾンはゲノムの中で転移する能力を持つため、その数やゲノムにおける位置に個人差がある。

◆異常スプライシング

ゲノムの上で離れた位置にある複数の配列(エキソン)を繋ぎあわせてひとつの遺伝子として発現する仕組み(スプライシング)の異常。スプライシングは遺伝子の多様性を増やす不可欠な現象であるが、突然変異などに起因する異常なスプライシングはがんなどの原因になると考えられている。

◆エピゲノム

ゲノムの塩基配列情報を変化させることなく、DNA の塩基のメチル化やヒストンタンパク質の修飾により遺伝子の発現を変更する仕組み。細胞分化やがん、生活習慣病などに関わることが知られている。後天性ゲノムともいう。

◆多重検定

限られたデータに対して多数の仮説を同時に調べる場合に用いられる統計検定。仮説が多ければ多いほどその内のひとつが偶然にデータに合ってしまう確率を考慮した方法。従来の多重検定法はその確率を過大に見積もるため、本当は成り立つ仮説でも棄却するケースが多い。

◆タンパク質の構造・局在予測

ゲノム配列からそれをコードするタンパク質の構造や細胞内で働く場所(細胞核など)をコンピュータープログラムで推定すること。

◆生体ネットワーク

細胞内の恒常性や刺激に対する応答を実現する、遺伝子間の複雑な制御関係の総体。

◆秘密計算

暗号化してあるデータを解凍せずに、そのデータに対して一定の計算を行える情報技術。

◆遺伝子多型

ヒトによってその配列が異なるゲノムの箇所（またはその箇所を含む遺伝子）。まれなものも含めて約 1000 万種類の遺伝子多型が知られており、その一部はがんなどの罹患（りかん）率や薬の効き目に影響する。

◆プロテオーム情報

生体細胞内で発現している（存在している）すべてのタンパク質の定量情報。

◆代謝パスウェイ情報

生体細胞内で、酵素によって行われる化合物の合成や分解などの化学反応を、一連の経路（パスウェイ）として考え、模式化した情報。

◆転写・翻訳効率

物質生産などに関与する遺伝子が mRNA に転写される時や、転写された mRNA がタンパク質に翻訳される時に、その生産量に対し細胞が必要とするエネルギー負荷。